

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/00	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/53040 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 21. Oktober 1999 (21.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01087 (22) Internationales Anmeldedatum: 7. April 1999 (07.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 557.4 9. April 1998 (09.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGeweBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genome sequences – of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovariumgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshon	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, die im Ovariumgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer

dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, 10 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu 15 verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den 35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 124-257, 274-307.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 124-257, 274-307 aufweisen.

10

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Phagen, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

30

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

40

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

45

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-305 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-
10 Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone
15 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

20 Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

25 ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

30 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

35 Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

40 X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

45 Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

5 **Erklärung der Abbildungen**

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- 10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in
15 verschiedenen Geweben
- Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- 20 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

15

20

25

30

35

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovarumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40

45

50

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase 0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust 0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
	Duennndarm 0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock 0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines Gewebe 0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal 0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn 0.0126	0.0082	1.5299	0.6536
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz 0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000

	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
5	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
10	Zervix	0.0426			

	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
25	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			

30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
35	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
40	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Uterus_n	0.0083			

Gastrointestinal 0.0000
 Haematopoetisch 0.0000
 Haut-Muskel 0.0097
 Hoden 0.0000
 Lunge 0.0000
 Nerven 0.0010
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0155
 Uterus_n 0.0000

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
25	Blase	0.0117	0.0026	4.5763 0.2185
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403 2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944
30	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
35	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129 1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
40	Niere	0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
45	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0445		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0213		

		FOETUS %Haeufigkeit
55	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062

Placenta 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

5

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
 %Haeufigkeit

Brust 0.0136
 Eierstock_n 0.0000
 Eierstock_t 0.1418
 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Foetal 0.0047
 Gastrointestinal 0.0244
 Haematopoetisch 0.0000
 Haut-Muskel 0.0000
 Hoden 0.0154
 Lunge 0.0000
 Nerven 0.0000
 Prostata 0.0137
 Sinnesorgane 0.0000
 Uterus_n 0.0000

25 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
30	Blase 0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust 0.0179	0.0075	2.3818	0.4198
	Duennndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
35	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn 0.0059	0.0103	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
40	Hepatisch 0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz 0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge 0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
45	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere 0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
50	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
55	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0000			

60

FOETUS
 %Haeufigkeit

Entwicklung 0.0000
 Gastrointestinal 0.0083
 Gehirn 0.0125
 Haematopoetisch 0.0157
 Haut 0.0000
 Hepatisch 0.0000

65

	Herz-Blutgefäesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
5	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
10	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
15	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
20	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
25	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0572	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0390	0.3070	3.2573
	Endokrines Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0324	0.6508	1.5365
	Gehirn	0.0126	0.0144	0.8742	1.1439
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0217			
	Zervix	0.0319			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0126	0.0072	1.7485	0.5719
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
20	Niere	0.0054	0.0479	0.1133	8.8268
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0179		0.6538	1.5296
	Brust	0.0307		0.0226		1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0215		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0090		0.0338		0.2657	3.7640
	Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0050		0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0192		0.0185		1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0074		0.0133		0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0257		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0065		0.7353	1.3600
15	Herz	0.0148		0.0137		1.0794	0.9265
	Hoden	0.0115		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0353		0.0164		2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.0387		0.0077		5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0154		0.0120		1.2850	0.7782
20	Niere	0.0163		0.0274		0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0198		0.0166		1.1966	0.8357
	Penis	0.0090		0.0267		0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196		0.0064		3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0338		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0384					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0353					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182					
	Zervix	0.0426					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefasse	0.0249					
	Lunge	0.0181					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0499					
	Sinnesorgane	0.0126					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0051					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0041					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0130					
60	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0110					
	Prostata	0.0274					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0458					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
25	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointental	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0263	0.5347	1.8702
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0204	1.1441	0.8741
	Brust	0.0192	0.0470	0.4083	2.4491
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0546	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0075	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0268	0.0416	0.6443	1.5522
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.0259	1.8382	0.5440
15	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0166	0.0184	0.9032	1.1072
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284	4.3775
20	Niere	0.0543	0.0411	1.3217	0.7566
	Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906	0.3039
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0051	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0379	0.0706	14.1689
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0702	0.0426	23.4526
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0278	2.0018	0.4995
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0255	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0741	0.8942	1.1183
	Brust	0.0640	0.0846	0.7561	1.3225
	Duenn darm	0.1104	0.0165	6.6733	0.1499
	Eierstock	0.0958	0.1951	0.4912	2.0358
	Endokrines_Gewebe	0.0511	0.0426	1.1987	0.8343
10	Gastrointestinal	0.1188	0.1527	0.7781	1.2851
	Gehirn	0.0584	0.0863	0.6771	1.4769
	Haematopoetisch	0.1016	0.1136	0.8940	1.1186
	Haut	0.0698	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0776	0.0613	16.3199
15	Herz	0.1304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571
	Lunge	0.1620	0.1227	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.1073	0.5402	1.8511
	Muskel-Skelett	0.1045	0.0480	2.1773	0.4593
20	Niere	0.0516	0.0959	0.5381	1.8583
	Pankreas	0.0529	0.1491	0.3545	2.8205
	Penis	0.0749	0.0800	0.9360	1.0684
	Prostata	0.0632	0.0426	1.4843	0.6737
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.2309	0.4621	2.1640
	Uterus_allgemein	0.1528	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0626			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0391			
	Lunge	0.0650			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	_Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0181			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0598	0.0501	19.9782
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.3189	0.0153	20.7988	0.0481
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0286	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0072	0.4114	2.4307
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust 0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal 0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn 0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere 0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0149			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0111			
	Gehirn 0.0063			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0071			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0247			
	Placenta 0.0061			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0065			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0164			
	Nerven 0.0070			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
45	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
50	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
40	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
45	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

50

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0260	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0102	0.2032	4.9209
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0108
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0491
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0102		1.1441	0.8741
	Brust	0.0090		0.0263		0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0156		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0170		0.0050		3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0172		0.0046		3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0081		0.0216		0.3771	2.6517
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0065		0.7353	1.3600
15	Herz	0.0117		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0083		0.0020		4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120		0.0060		1.9989	0.5003
20	Niere	0.0081		0.0068		1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017		0.0110		0.1496	6.6857
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0131		0.0021		6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0179	0.0169	1.0586	0.9446
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0286	0.2093	4.7774
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0229	0.0164	1.3949	0.7169
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0350	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0085	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0221			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0179	0.4358	2.2944
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0073	0.0102	0.7112	1.4060
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0188
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.1014			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0102		0.3814	2.6222
	Brust	0.0179		0.0038		4.7637	0.2099
	Duenn darm	0.0092		0.0496		0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060		0.0260		0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0153		0.0251		0.6113	1.6358
10	Gastrointestinal	0.0211		0.0463		0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0155		0.0103		1.5119	0.6614
	Haematopoetisch	0.0040		0.0758		0.0529	18.8919
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0388		0.0000	undef
15	Herz	0.0106		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0177		0.0143		1.2338	0.8105
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0109		0.0274		0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0231		0.0221		1.0470	0.9551
	Penis	0.0090		0.0267		0.3369	2.9678
	Prostata	0.0065		0.0106		0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0204		0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0125					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0142					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0499					
50	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0068					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0122					
60	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0060					
65	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0148	0.0144	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0275	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0192	0.5687	1.7585
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duennndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0140	0.0185	0.7600	1.3159
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
40	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
55	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
60	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0072	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0332	1.7601	0.5681
	Brust	0.0230	0.0132	1.7499	0.5715
	Duenn darm	0.0153	0.0827	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0150	0.0546	0.2741	3.6482
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0416	0.4602	2.1730
	Gehirn	0.0163	0.0277	0.5866	1.7046
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121
	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0297	0.0412	0.7196	1.3897
	Hoden	0.0863	0.1169	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0364	0.0266	1.3678	0.7311
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0411	0.0360	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0262	0.0128	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0528			
	Gehirn	0.1189			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0818			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0140	0.0082	1.7099	0.5848
	Haematopoetisch	0.0053	0.1515	0.0353	28.3379
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0184	0.5645	1.7715
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0241			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0150	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045	0.9054
	Gehirn	0.0022	0.0154	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	6.3239	0.7179	8.8087	0.1135
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.2721			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
60	Gastrointestinal	0.2685			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0090	0.0520	0.1727	5.7908
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0970	0.3922	2.5500
15	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0616	0.2643	3.7829
	Pankreas	0.0396	0.0055	7.1795	0.1393
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.2863	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0169	0.1512	6.6125
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019	0.2325
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.0895	1.1768	0.8498
	Brust	0.0652	0.0846	0.7713	1.2966
	Duennndarm	0.1073	0.0992	1.0813	0.9248
	Eierstock	0.0629	0.1353	0.4649	2.1509
	Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0451	1.2830	0.7794
10	Gastrointestinal	0.1379	0.2220	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0702	0.0534	1.3153	0.7603
	Haematopoetisch	0.1056	0.1136	0.9293	1.0761
	Haut	0.0587	0.0847	0.6931	1.4427
	Hepatisch	0.0285	0.1035	0.2757	3.6266
15	Herz	0.1293	0.0412	3.1353	0.3189
	Hoden	0.0403	0.1754	0.2296	4.3556
	Lunge	0.0914	0.1063	0.8598	1.1631
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.1840	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0548	0.1260	0.4351	2.2982
20	Niere	0.0814	0.1438	0.5665	1.7654
	Pankreas	0.0363	0.1878	0.1936	5.1662
	Penis	0.1138	0.0800	1.4227	0.7029
	Prostata	0.0697	0.0958	0.7279	1.3738
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0951	0.8818	1.1341
	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0922			
	Samenblase	0.0712			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1448			
	Zervix	0.1810			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.1083			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0944			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0712			
	Lunge	0.1409			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.1297			
	Placenta	0.0545			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0895	0.7409	1.3497
	Brust	0.0371	0.0489	0.7591	1.3174
	Duennndarm	0.0766	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0754	0.3573	2.7989
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0326	0.5225	1.9139
	Gastrointestinal	0.0805	0.0833	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0177	0.0390	0.4547	2.1992
	Haematopoetisch	0.0896	0.0758	1.1822	0.8459
15	Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779
	Hepatisch	0.0238	0.0776	0.3064	3.2640
	Herz	0.0604	0.1237	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0702	0.4100	2.4391
20	Lunge	0.0519	0.0429	1.2096	0.8267
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0843	0.8022	1.2466
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9280	1.0775
	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
25	Pankreas	0.0132	0.0773	0.1709	5.8500
	Penis	0.0838	0.0533	1.5724	0.6360
	Prostata	0.0567	0.0255	2.2179	0.4509
	Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0679	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
35	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0772			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0305			
45	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0679			
55	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1468			
65	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.1836	0.1227	1.4969	0.6681
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.1246			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0301	0.0851	11.7556
	Duenndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0728	0.0411	24.3213
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0100	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0510	0.0596	0.8565	1.1675
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.1695	0.0217	46.1678
	Hepatisch	0.0523	0.1747	0.2996	3.3382
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0935	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0818	0.0889	11.2478
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0240	0.2760	0.0869	11.5066
20	Niere	0.3910	0.4108	0.9516	1.0508
	Pankreas	0.1123	0.0387	2.9060	0.3441
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1838			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0696	
	Gastrointestinal	0.0194	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0107	
	Lunge	0.0036	
45	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.2302	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.1632	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0128	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0231	
65	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0310	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0244	0.3664	2.7290
	Duennndarm	0.0123	0.0496	0.2472	4.0460
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0044	0.0216	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0250			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.1084			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0332	0.8214	1.2174
	Brust	0.0230	0.0188	1.2250	0.8164
	Duenn darm	0.0276	0.0331	0.8342	1.1988
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022
	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0463	0.3728	2.6827
	Gehirn	0.0118	0.0144	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0540	0.0550	0.9830	1.0173
	Hoden	0.0173	0.0585	0.2952	3.3877
	Lunge	0.0322	0.0450	0.7159	1.3969
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0600	0.3998	2.5014
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0240	0.0405	0.5926	1.6874
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0583			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0221			
65	Prostata	0.0821			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0416			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenn darm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0416	0.2159	4.6326
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0126	0.0031	4.0798	0.2451
	Haematopoetisch	0.0080	0.1136	0.0706	14.1689
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0104	0.0164	0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0435	0.8076	1.2383
	Brust	0.0576	0.0489	1.1778	0.8490
	Duenn darm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0659	0.1353	0.4871	2.0531
	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0878	0.9121	1.0963
10	Gastrointestinal	0.0441	0.1203	0.3664	2.7294
	Gehirn	0.1072	0.0298	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0201	0.1515	0.1323	7.5568
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0582	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0572	0.0687	0.8327	1.2010
	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315	4.3193
	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555	1.5255
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0613	0.4727	2.1155
	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829	0.4028
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0741	0.0426	1.7402	0.5747
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0546			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.1971			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.1040			
	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.1120			
45	Nebenniere	0.1521			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.1212			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0628			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0262			
	Gastrointestinal	0.1220			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.2211			
	Nerven	0.0502			
65	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.1471			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0307	0.0169	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0416	0.2878	3.4745
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526	0.6441
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479	0.8013
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0177	0.0204	0.8637	1.1579
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0153	2.0339	0.4917
	Brust	0.0192	0.0320	0.6005	1.6654
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0416	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0451	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0177	0.0164	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0065	5.8824	0.1700
15	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0187	0.0123	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682	1.3018
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0341			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0395	0.1296	7.7146
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0312	0.0959	10.4234
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0081	0.0113	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0486	0.4014	2.4911
	Brust	0.0064	0.0338	0.1890	5.2900
	Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0052	0.0123	0.4200	2.3811
	Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz	0.0074	0.0962	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0665	0.0573	1.1612	0.8612
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0788	0.0300	2.6271	0.3807
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis	0.0000	0.0800	0.0000	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1682			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0557			
	Endokrines_GeweBe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0052	0.0021	2.5199	0.3968
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0844	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0201	0.0275	0.7324	1.3653
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0329	0.1066	0.3089	3.2376
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0852			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0020			
75	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567	6.3796
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0081	0.0082	0.9899	1.0102
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0307	0.2371	4.2179
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0113	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0286	0.1047	9.5548
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0082	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duenn darm	0.0337	0.0496	0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0251	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0747	0.0879	0.8501	1.1763
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0231	0.0166	1.3960	0.7163
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1092	0.0460	2.3729	0.4214
	Brust	0.0627	0.0865	0.7249	1.3795
	Duenndarm	0.1012	0.1158	0.8739	1.1443
	Eierstock	0.0599	0.1509	0.3970	2.5190
	Endokrines_Gewebe	0.0852	0.2984	0.2854	3.5039
10	Gastrointestinal	0.0900	0.0925	0.9733	1.0274
	Gehirn	0.1811	0.0637	2.8450	0.3515
	Haematopoetisch	0.0521	0.1136	0.4587	2.1798
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.0582	1.3889	0.7200
15	Herz	0.1092	0.0962	1.1344	0.8815
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0634	0.1104	0.5739	1.7425
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0463	0.0420	1.1014	0.9079
20	Niere	0.0706	0.1369	0.5155	1.9400
	Pankreas	0.0743	0.1049	0.7085	1.4114
	Penis	0.1467	0.0800	1.8345	0.5451
	Prostata	0.0567	0.0873	0.6491	1.5405
	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.1155	0.9242	1.0820
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1407			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0532			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1113			
	Gastrointestinal	0.0694			
	Gehirn	0.0938			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.1281			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.1381			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0753			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0500			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0117		0.0102		1.1441	0.8741
	Brust	0.0077		0.0075		1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0061		0.0331		0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030		0.0390		0.0768	13.0292
	Endokrines Gewebe	0.0051		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019		0.0093		0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0044		0.0154		0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095		0.0970		0.0980	10.1999
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0115		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0789		0.0532		1.4850	0.6734
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0077		3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0027		0.0205		0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0033		0.0055		0.5983	1.6714
	Penis	0.0120		0.0267		0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153		0.0021		7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
	Samenblase	0.0445					
30	Sinnesorgane	0.1411					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
	Zervix	0.1917					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0340					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0047					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
25	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0134
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0179	1.7434	0.5736
	Brust	0.0205	0.0244	0.8376	1.1939
	Duenn darm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0862	0.0463	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0067	0.0133	0.4984	2.0063
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0212	0.0412	0.5140	1.9456
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0374	0.0450	0.8313	1.2029
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0600	0.2284	4.3775
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857
	Penis	0.0449	0.0267	1.6847	0.5936
	Prostata	0.0240	0.0234	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0303			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0077		0.5085	1.9666
	Brust	0.0000		0.0188		0.0000	undef
	Duenndarm	0.0245		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0120		0.0442		0.2709	3.6916
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134		0.0185		0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0007		0.0072		0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0321		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
15	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Lunge	0.0478		0.0450		1.0623	0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0676		0.0690		0.9804	1.0200
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Pankreas	0.0116		0.0055		2.0940	0.4775
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0065		0.0128		0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1101					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0139					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0366					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0000					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0588	0.3979	2.5129
	Brust	0.0179	0.0507	0.3529	2.8339
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0546	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
10	Gastrointestinal	0.0364	0.0786	0.4629	2.1603
	Gehirn	0.0067	0.0216	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0323	0.1471	6.7999
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0270	0.0225	1.2008	0.8328
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0326	0.0616	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176	4.5964
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0256	1.3729	0.7284
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0204	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
50	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
60	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435	0.0320	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0210	0.0676	0.3100	3.2263
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0752	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0185	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0525	0.0554	0.9466	1.0564
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0329	0.0962	0.3414	2.9288
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0166	0.0327	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0240	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0624	0.0822	0.7600	1.3158
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0419	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0405	0.4310	2.3202
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0136	2.8057	0.3564
	Uterus_allgemein	0.0662	0.0954	0.6939	1.4412
	Brust-Hyperplasie	0.0608			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointenstinal	0.0500			
	Gehirn	0.0876			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0434			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.1130			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0402			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777
	Brust	0.0333	0.0470	0.7077	1.4129
	Duenn darm	0.0399	0.1819	0.2191	4.5647
	Eierstock	0.0150	0.0702	0.2132	4.6905
	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0903	0.2642	3.7857
10	Gastrointestinal	0.0900	0.1110	0.8111	1.2329
	Gehirn	0.0067	0.0267	0.2492	4.0126
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0184	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.3527	0.1370	7.2985
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef
20	Niere	0.0733	0.1575	0.4655	2.1483
	Pankreas	0.0694	0.0276	2.5128	0.3980
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1068			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0813			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.4149			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duenn darm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0093	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0111	0.0144	0.7714	1.2964
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0229	0.0245	0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0123	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0392	0.0213	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0282	0.5898	1.6955
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0392	0.0527	0.7439	1.3442
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0687	0.0925	10.8088
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0239	0.0470	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0182	0.0110	1.6453	0.6078
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0106	2.8662	0.3489
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.1055	0.1920	5.2070
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0408			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0151			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0460	0.2542	3.9333
	Brust	0.0192	0.0376	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0271	0.0137	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0240	0.0298	0.8043	1.2434
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0207	0.2475	4.0410
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0886	11.2920
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0092	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0275	0.1927	5.1882
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0354
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0375

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0409	0.2860	3.4963
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0390	0.2303	4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0702	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0479	0.0231	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0229	0.0349	0.6564	1.5234
	Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0624	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0468	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0270	0.0491	0.5504	1.8170
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0377	0.0840	0.4487	2.2286
20	Niere	0.0462	0.0411	1.1235	0.8901
	Pankreas	0.0116	0.0276	0.4188	2.3877
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0283	0.0490	0.5786	1.7284
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0312			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0611			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
50	Sinnesorgane	0.0377			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0702	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duendarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0038			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389		
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000		
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef		
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
10	Gastrointestinal	0.0517	0.0879	0.5886	1.6991		
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hepatisch	0.0381	0.0518	0.7353	1.3600		
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470		
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933		
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428		
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538		
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.1760	0.0518	3.4008	0.2941
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0174	0.0277	0.6299	1.5875
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.1053		0.1125		0.9361	1.0683
	Brust	0.1164		0.1015		1.1468	0.8720
	Duennndarm	0.0491		0.0662		0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479		0.1015		0.4723	2.1173
	Endokrines Gewebe	0.0562		0.0251		2.2415	0.4461
10	Gastrointestinal	0.1015		0.1758		0.5777	1.7311
	Gehirn	0.0296		0.1273		0.2322	4.3058
	Haematopoetisch	0.0535		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.2166		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809		0.1035		0.7813	1.2800
15	Herz	0.4133		0.2612		1.5825	0.6319
	Hoden	0.0748		0.0468		1.5989	0.6254
	Lunge	0.1506		0.1227		1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.2126		0.1073		1.9808	0.5048
	Muskel-Skelett	0.0805		0.1680		0.4793	2.0863
20	Niere	0.0543		0.0890		0.6100	1.6393
	Pankreas	0.0562		0.1712		0.3281	3.0479
	Penis	0.1497		0.2399		0.6240	1.6026
	Prostata	0.0850		0.0362		2.3483	0.4258
	Uterus_Endometrium	0.0541		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457		0.1019		0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0560		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0991					
	Prostata-Hyperplasie	0.0832					
	Samenblase	0.0801					
30	Sinnesorgane	0.1059					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720					
	Zervix	0.0639					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0835					
	Gastrointestinal	0.0361					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0433					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0961					
	Lunge	0.0867					
45	Nebenniere	0.0761					
	Niere	0.0309					
	Placenta	0.1151					
	Prostata	0.5984					
	Sinnesorgane	0.0251					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0544					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0466					
	Gastrointestinal	0.0610					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0421					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.1474					
	Nerven	0.0110					
	Prostata	0.0205					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 258

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0014	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0213	0.1288	7.7625
10	Eierstock	0.0000	0.0167	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
35	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 259

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0070	0.0014	5.0097	0.1996
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
10	Duenndarm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0089	0.3621	2.7613
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
25	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284	2.3344
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0141			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 260

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0085	0.2243	4.4591
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0525	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0023	0.0020	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0088	0.0037	2.3680	0.4223
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0051	0.0224	0.2254	4.4364
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0304	0.0902	11.0896
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0098			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 261

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0014	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0191	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 262

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0023	6.6380	0.1506
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenndarm	0.0110	0.0320	0.3435	2.9109
10	Eierstock	0.0178	0.0334	0.5333	1.8752
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0213	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0081	0.0060	1.3539	0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0190	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0175	0.0129	1.3531	0.7390
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0111	0.1546	6.4671
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0091	1.1370	0.8795
	T_Lymphom	0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0192	0.0230	0.8353	1.1971
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0162			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0293			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 263

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0136	0.9198	1.0872
	Blase	0.0039	0.0188	0.2075	4.8204
	Brust	0.0114	0.0281	0.4070	2.4568
	Dickdarm	0.0211	0.0142	1.4801	0.6756
	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0286	0.3111	3.2147
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0151	1.0599	0.9435
	Gehirn	0.0211	0.0110	1.9234	0.5199
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662	2.7307
15	Herz	0.0162	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0178	0.4523	2.2108
	Lunge	0.0136	0.0111	1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5666	1.7648
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0185	1.0206	0.9799
20	Niere	0.0157	0.0145	1.0831	0.9232
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Prostata	0.0123	0.0039	3.1352	0.3190
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0077	0.0230	0.3368	2.9694
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0069			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 264

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0136	1.1037	0.9060
	Blase	0.0273	0.0211	1.2907	0.7748
	Brust	0.0229	0.0632	0.3618	2.7639
	Dickdarm	0.0268	0.0256	1.0466	0.9555
	Duendarm	0.0192	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089	0.0501	0.1778	5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0142	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0041	0.0160	0.2539	3.9391
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0465	0.0254	1.8311	0.5461
15	Herz	0.0091	0.0412	0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0204	0.0185	1.1050	0.9049
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0384	0.7557	1.3233
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0185	0.3711	2.6946
20	Niere	0.0537	0.0289	1.8570	0.5385
	Pankreas	0.0380	0.0110	3.4403	0.2907
	Prostata	0.0330	0.0130	2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0148	0.0138	1.0709	0.9338
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0204			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 265

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785	0.2009
	Brust	0.0141	0.0155	0.9109	1.0979
	Dickdarm	0.0920	0.0968	0.9498	1.0528
	Duenn darm	0.0247	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0882	0.2354	4.2478
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0444	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909	0.6707
	Magen-Speiserohre	0.0362	0.0128	2.8338	0.3529
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0207	0.0352	0.5895	1.6963
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0915			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0113			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 266

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0525	0.1131	8.8401
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0035	4.5268	0.2209
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3155	0.7601
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0470	0.0048	9.7491	0.1026
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 267

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0029	0.0010	2.9013	0.3447
	Haut	0.0000	0.0394	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 268

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
	Brust	0.0088	0.0253	0.3479	2.8744
	Dickdarm	0.0192	0.0028	6.7278	0.1486
	Duenn darm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0035	5.4321	0.1841
	Gehirn	0.0081	0.0249	0.3249	3.0774
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0126	0.0037	3.4204	0.2924
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0037	3.2472	0.3080
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0104	0.0052	1.9897	0.5026
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0163	0.0092	1.7670	0.5659
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 269

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359	0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0030	0.0191	0.1555	6.4291
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0018	3.6214	0.2761
	Gehirn	0.0058	0.0060	0.9671	1.0340
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0111	0.3093	3.2335
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0092	0.4819	2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 270

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Blase	0.0156	0.0047	0.0047	3.3190	0.3013	
	Brust	0.0167	0.0197	0.0197	0.8499	1.1767	
	Dickdarm	0.0307	0.0199	0.0199	1.5378	0.6503	
	Duenndarm	0.0082	0.0213	0.0213	0.3865	2.5875	
10	Eierstock	0.0059	0.0334	0.0334	0.1778	5.6255	
	Endokrines_Gewebe	0.0321	0.0248	0.0248	1.2934	0.7732	
	Gehirn	0.0365	0.0170	0.0170	2.1504	0.4650	
	Haut	0.0257	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0127	0.0000	undef	
15	Herz	0.0426	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hoden	0.0161	0.0118	0.0118	1.3571	0.7369	
	Lunge	0.0272	0.0222	0.0222	1.2278	0.8144	
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	0.0074	1.8555	0.5389	
20	Niere	0.0246	0.0145	0.0145	1.7022	0.5875	
	Pankreas	0.0050	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Prostata	0.0179	0.0065	0.0065	2.7494	0.3637	
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.0672	0.2630	3.8026	
	Uterus	0.0118	0.0046	0.0046	2.5703	0.3891	
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0147					
	Penis	0.0188					
	Samenblase	0.0281					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0167					
35	Gehirn	0.0188					
	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0356					
40	Lunge	0.0108					
	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0182					
	Prostata	0.0249					
45	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0068					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0110					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0227					
60	Hoden_n	0.0125					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0195					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0281					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0068					
	Prostata_n	0.0061					
	Sinnesorgane	0.0232					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 271

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0407	0.3066	3.2617
	Blase	0.0117	0.0164	0.7112	1.4061
	Brust	0.0123	0.0098	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909
	Duenndarm	0.0165	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0195	0.4938	2.0250
	Gehirn	0.0122	0.0070	1.7408	0.5745
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
	Hoden	0.0201	0.0059	3.3928	0.2947
	Lunge	0.0117	0.0148	0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0320	0.2267	4.4110
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0066	0.0117	0.5627	1.7770
	T_Lymphom	0.0126	0.0149	0.8453	1.1830
	Uterus	0.0059	0.0322	0.1836	5.4469
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0304	0.2029	4.9287
	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
35	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0220			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0211			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 272

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840	5.4361
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319	3.0130
	Brust	0.0246	0.0070	3.5068	0.2852
	Dickdarm	0.0287	0.0399	0.7208	1.3873
	Duenn darm	0.0082	0.0426	0.1932	5.1750
10	Eierstock	0.0148	0.0381	0.3889	2.5717
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0266	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0220	0.0130	1.6961	0.5896
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0000	undef
15	Herz	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0214	0.0129	1.6538	0.6047
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0134	0.0193	0.6964	1.4360
	Pankreas	0.0264	0.0276	0.9573	1.0446
	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0227	0.0373	0.6086	1.6431
	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284	2.3344
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0607	0.1353	7.3931
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0375			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0121			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 273

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0188	0.4149	2.4104
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0215	0.1383	7.2328
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0053	1.5089	0.6627
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0355	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0111	0.3508	2.8506
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0128	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0074	1.6236	0.6159
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0085	0.0065	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0303	0.0149	2.0287	0.4929
	Uterus	0.0133	0.0092	1.4458	0.6917
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0205	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen *C_i* (*i*: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if *H₀* Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while *C_i* > *C_{i-1}*; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville,
15 Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer
20 Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB),
25 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap
30 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der
35 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone
 (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,
 Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit
 der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek
 10 bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer
 spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA
 verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die
 Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der
 Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit
 die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
 Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs					
4	195/N/3	206/P/3	384/I/3	323/G/9		
5	222/B/10	404/E/10	526/F/20	565/P/11	279/F/14	
9	501/L/21					
11	490/P/4	321/I/23	410/F/5	443/N/20		
19	311/A/19	505/F/17	216/D/8	219/C/22		
29	382/N/10	539/L/7				
31	530/D/11					
35	503/N/10					
37	547/D/16	215/P/16	439/K/6			
39	216/L/9	512/F/5	203/J/15			
45	205/K/7	250/H/22	283/C/17	528/B/20	402/L/11	
80	371/A/20	470/L/3	495/L/3			
92	254/M/9	376/O/12	421/L/18	429/J/19		
112	243/O/14	520/K/15	565/J/17	565/J/24		

TABELLE I

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
1	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		1p31.1-p34.1	SHGC-2542,2540,2456; D1S448-D1S500;; WI-6555; D1S198-D1S462
2	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		2p22.3-p23.3	SGC32173; D2S174-D2S390;; TIGR-A06H24; D2S392-D2S390
3	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		4p15.1	WI-15951 (D4S1043-SHGC-16179)
4	in Ovariumgewebe überexprimiert	P52rIPK		11q13.5 - q14.1	SHGC-31396 (SHGC-32287, D11S4681)
5	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		1q22	SHGC-31641
6	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		13q33.1 - q34	AFM310yd5
7	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		8q11.23-q12.1	SHGC-32002; D8S1828-D8S507
8	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		4q24	SHGC-36699
9	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	2q35	SHGH-32531 (D2S1297, SHGC-35278)
10	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt	PHD		
12	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	AFM200ya9=D5S414
13	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		3p23	WI-6841; D3S1599-D3S1583
15	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		6q22.1-q24.3	SHGC-33316; D6S453-D6S311
16	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	10p15.3	Cda1hh03; D10S533-D10S594;; SHGC-11812; D10S558-D10S591
18	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt	Ribosomal_L24e	15q21.3-q22.1	Cda17g12; D15S209-D15S198
19	in Ovariumgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3	SHGC-36010 (D11S1979, D11S1887)

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
20	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q22.2-3q22.3	SHGC-34629 (SHGC-30855, SGC32794)
21	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q26.33-q29	AFM308yf1 (D3S2363, D3S3669)
22	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q11.23	SHGC-37054
23	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
24	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q28.1-q31.1	WI-30941; SGC30941; D4S1580-D4S427
25	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Branchio-oto-renal syndrome candidate gene		7q32.3-q33	AFMc024we9
26	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	17q23.3	SHGC-64257
27	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p12-p13.2	SHGC-31370 (SHGC-35547-SHGC-35513)
28	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q22.3	Cda0wf11, TIGR-A001X23; D10S607-D10S201
29	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.2-q13.5	WI-14303; D11S4136-D11S1314.; TIGR-A005U01; D11S913-D11S1314/RH; SHGC-14407
30	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p21.3	SHGC-14339
31	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p12.3	AFMb320va9
32	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain		1q41	SHGC-3992 (D1S2550-D1S2568)
33	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	Thymosin	11q23.3	WI-19895; D11S924-D11S925
34	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	GSHPx	5q33.1	SHGC-10972
35	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA		19q13.13-q13.2	AFMb018wh1

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
36	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus formin binding protein 21	WW_rsp5_WWVP		
38	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein		2p13.1- p16.1;RH: 2p13.1-p13.3	stSG31094; D2S292-D2S145
39	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725		19q12	AFM205yf10 (D19S1080, D19S590)
40	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsly1p	Sec1	17	
41	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu PEC-50=gastrointestinal peptide, swine	kazal		
42	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein		8p22-p23.3	BDa16f11; D8S549-D8S1733 bzw. S280
43	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse mitochondrial genome; Unidentified reading frame	oxidored_q1_N		
44	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)		1p36.31-p36.13	SHGC-11461 (D1S2565, SGC32561)
45	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus Tera		12p11.21- p11.23	SHGC-1349 (D12S1621/D12S1805)
46	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7		19q13.33-qter	SHGC-30173; D19S418-qTEL
47	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	PRO_RICH	2p11.1-p11.2	D2S388-D2S2181
48	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	UPF0005	10q23.1	SHGC-167+SHGC-11466; D10S551-D10S532
49	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	PRO_RICH	Xq22.3-Xq25	stSG2963; DXS1059-DXS1047

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
50	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C40H1		1q22	WI-7155
51	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans cosmid K02D10		7p11.2-p12.3	Cda1bc08;D7S506-D7S499;; SHGC-17265+11581;D7S499-D7S2429
52	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Bovine inorganic pyrophosphatase	Pyrophosphatase	3q26.1	SHGC-9372
53	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu B. taurus mRNA for B15 subunit of NADH: ubiquinone oxidoreductase complex		3q13.12-q13.2	D3S1310-D3S1575
54	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Aplysia californica vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein aber anders		20q13.33	SHGC-11512
55	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Aplysia californica vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein	PRO_RICH; MSP_DOMAIN	15q25.3-15q26.1	SHGC-69080 (D15S202/D15S1046, D15S1178)
56	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog des R. norvegicus intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	PRO_RICH	1p32.2-p31.2	SGC34409
57	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	rrm; PRO_RICH	10q21.1-q22.1	WI-11265; D10S581-D10S210
58	in Ovariumorgewebe überexprimiert	dbpB-like protein	CSD; PRO_RICH	15q25.3-15q26.1	AFM282wg5=D15S202 (D15S1046;D15S1187)
59	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein	PRO_RICH	2p25.2-p25.1	
63	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	trypsin	7q35	SHGC-16894
65	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Annexin IV	annexin	2p13.1-p16.1	SHGC-9858
67	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human X2 box repressor		16q12.1-q22.1	WI-6174; D16S408-D16S3089;;Cda01g10; D16S419-D16S415

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
68	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human transcriptional coactivator PC4		5p15.1	SGC32812; D5S477-D5S651
69	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human tetrapeptide repeat protein		5q33.2-q33.3	TIGR-A002Q13; D5S412-D5S422
70	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human tax1-binding protein TXBP151		7p14.1-p21.3	SGC31789; D7S516-D7S632
72	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human prothymosin alpha			
73	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human profilin	profilin	17p13.3	
74	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human pepsinogen C	asp	6p21.1	SGC35331; D6S426-D6S271
76	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human osteopontin	Osteopontin	4q13.3-q22.1	SHGC-9669; D4S1542-D4S1544
78	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human non-histone chromosomal protein	HMG14_17	21q22.3	
79	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	thioredoxin	2p23.3-p24.1	SGC31703; D2S287-D2S131; s1SG1958; D2S162-D2S287
80	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0332		3p21.1	SHGC-14798 (D3S4210, SHGC-11985)
81	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0078	PRO_RICH		SHGC-9647; D7S651-D7S477; WI-14191; D8S269-D8S1799 +2 weitere auf Chr.8
82	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein	HSP90	4, 11, 1, 6	SHGC-11305
83	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human major nuclear matrix protein	RBD; ZF_MATRIN	5q31.1	SHGC-3183
84	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human Ku (p70/p80) subunit		2q34-q35	SHGC-11966; D2S2382-D2S164; WI-8140; D2S143-D2S164
85	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human interferon-induced 17-kDa/15-kDa protein	ubiquitin	1p36.31-p36.32	
86	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	HSP70	11q23.3-q25	D20S113-D20S97
88	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)		19p13.13	SHGC-32638; D19S899-D19S407

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
89	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)		17p11.2	SHGC-9883
90	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human enhancer of rudimentary homolog	ER	14q22.3-q24.2	WI-8921; D14S63-D14S251
91	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)		7q21.3-q22.1	D5S1977-D5S428 (Hs.85215)
92	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human decay-accelerating factor mRNA		1q32.2	SHGC-11228
93	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human chromosome segregation gene homolog CAS	IBN_NT	20q13	
94	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	thyroglobulin_1	2p15-p21	AA113218; D2S119-D2S337
95	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human calmodulin	EF_HAND_2	2p16.3-p21	WI-9106; D2S391-D2S123
96	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human Bax alpha	Bcl-2	19q13.3-q13.4	
97	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human antileukoprotease (ALP)	wap	20q13.13-q13.2	WI-6969 (D20S880, SGC34003)
98	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	3Beta_HSD	1p36.11	SHGC-11459 (RH420-D1S3295)
99	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein		4q31.1	SHGC4-275
100	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for galectin-3	Gal-bind_lectin	14q12-q22.3	D14S276-D14S66
101	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	7tm_1; G_PROTEIN_RECEPT OR_2; PRO_RICH	12q14.2-q14.3	SHGC-33073
102	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	Kunitz_BPTI;	19q13.2	TIGR-A007F08; D19S421-D19S408
103	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	PRO_RICH	7q11.23	
105	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	Kunitz_BPT	21q21.2-q22.11	WI-8962; D21S265-D21S260
106	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens CD24 signal transducer		6p21	AFM115xh2; SHGC-13799 - SHGC-32498

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
107	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)		1q31.1	SHGC-58249(D1S2602/WI-2775,WI-7265)
108	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Histone H2B	histone; Archaeal_histone	6p21.2-p21.31	WI-11733; D6S276-D6S439
110	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	sushi	1q32.1-q32.2	SHGC-12033; D1S456-D1S2891
111	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens TROP-2 gene	thyroglobulin_1	1p32.2-p32.3	SHGC-12661; D1S476-D1S220
112	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for Ichn protein		11q14.1	SHGC-31540; D11S4179-D11S937;; SGC31540; D11D911-D11S1352
113	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for BiP protein	HSP70; PRO_RICH	9q33.3-q34.11	WI-6005; D9S282-D9S260
114	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	wap	20q13.2-q13.13	SGC30446; D20S119-D20S197;;WI-30446
115	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	lipocalin	9q34	
116	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H. sapiens mRNA for Sm protein G		18q21.1	SHGC-8871 (D18S484;D18S851)
117	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H. sapiens for glutathione peroxidase-GI	NLS_BP; GSHPx	14q24.1	
120	in Ovariumorgewebe überexprimiert	CDC28 protein kinase 2	CKS	9q21.31-q22.1	SHGC-11955; D9S1812-D9S283;; SGC31294; D9S153-D9S264
121	in Ovariumorgewebe überexprimiert	B-factor, properdin	VWA DOMAIN; TRYPSIN_CATAL; sushi; trypsin		DXS255-DXS426
122	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Annexin II	annexin	15q22.1-q22.31	WI-8600+WI-9161; D15S198-D15S159
123	in Ovariumorgewebe überexprimiert	ADP-ribosylation factor like 1	arf	12q22-q23.1	SHGC-12629; D12S1727-D12S78;; WI-7420; D12S346-D12S78
258	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 2			
259	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 3			

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
260	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 4			
261	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 10			
262	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 18			
263	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
264	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 26			
265	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 30			
266	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 34			
267	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 42			
268	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 46			
269	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 47			
270	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 48			
271	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 50			
272	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 52			
273	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			

TABELLE II

Seq ID No.	ORF Seq ID No.					
1	124	125	126	127	128	129
2	130	131				
3	132					
4	133	134				
5	135					
6	136	137				
7	138	139				
8	140	141				
9	142	143				
10	144	145				
12	148	149				
13	150	151	152	153		
15	155	156	157			
16	158	159	160			
18	163	164				
19	165					
20	166	167				
21	168	169				
22	170	171	172			
23	173	174				
24	175	176				
25	177	178				
26	179					
27	180	181				
28	182	183	184			
29	185	186				
30	187	188				
31	189	190	191			
32	192	193	194	195	196	
33	197	198	199			
34	200	201				
35	202	203	204			
36	205	206	207	208		
38	210	211				
39	212	213	214	215		
40	216					
41	217	218				
42	219	220	221			
43	222	223	224	225		
44	226	227				
45	228	229	230	231	232	
46	233	234	235			
47	236	237	238			
48	239	240				
49	241	242				
50	243	244	245			
51	306	307				
52	246					
53	247	248	249			
54	250	251				

Seq ID No.	ORF Seq ID No.		
55	252	253	254
56	255	256	
57	257		
258	274	275	
259	276	277	
260	278	279	
261	280	281	
262	282	283	
263	284	285	
264	286	287	
265	288	289	
266	290	291	
267	292	293	
268	294	295	
269	296	297	
270	298	299	
271	300	301	
272	302	303	
273	304	305	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 der ermittelten
Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-
5 307 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

- 5 (i) ANMELDER:
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674
- 15
- (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Ovartumorgewebe
- 20 (iii) Anzahl der Sequenzen: 284
- (iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
25 (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:
- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
45 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

5  cgggatttta cccggtttaa aaagcgaacc ttctcccggc tacacccgaa ggtacccaaa 60
   tatgggtagg tccggttttc caacttggca aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
   ataaattttc cagcggatta tggcattcct tccaggaaat acctcttggg aaaggcctgc 180
   ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac cagtttaaag 240
   ctttcacttc atttgtgttt tttaatatag gatttagaag ttcccccaat tacaaactgg 300
   ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac atgggtcaact 360
   gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaatacta actatatgta 420
   ttttaactta gttttaatat tttcattttt ggggaaaaat cttttttcac ttctcatgat 480
   agctgttata tataatgctt aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
10  aaagcacatt tggtttatta acccttgctc cttgcatggc tcattagggtt caaattataa 600
   ctgatttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaagtctt gagtttccca ttttaaaatc 660
   taaactagac atcttaattg gtgaaagtgt tttaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
   gtgtcaagtg aagtagtttt ataggtatgg gttttttctc ccccttcacc aggggtgggtg 780
   gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaaactgtt ctgtaaaata agtgtctggc 840
15  catttgggtat gatttctgtg tgtgaaaggt cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
   gccaccattt aacccttcct tgttctaaaa caaaaaccaa agggcgctgg ttggtagggt 960
   gaggtggggg agtattttta tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgtagggt 1020
   ttggaacagc agcactatac atgaaatata aacaaaaaac ctttactgtt tctaaatttcl080
   ctgatttgc attatttggg tgaagtgtga gtattccaca gaaagtggta attatctctt1140
20  ctctcttcct ccattagaaa attaggtaaa taatggattc ctataatggg agcatcacca1200
   cttattaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagttt tctaggattg tcttttattcl260
   tgccacattt attgataaac agtgaaggaa tttttaaaaa atttttaaga attgtttgtcl320
   acgtcatttt tagaaatggt ctacctgtat atggtaatgt ccagttttta aaatattgga1380
   catcttcaat cttaaacatt tctatttagc tgattgggtc tcacatatac ttctaaaaga1440
25  aacttttatg ttataagagt tactttttgg ataagattta ttaatctcag ttactactal500
   ttctgacatt ttaggaagga ggtaattgtt tttaatgatg gataaaacttg tgctgggtgt1560
   ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actgggtgcta atgtctaata taattttata1620
   tttacacaca tacgtgctac ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgaccatttg1680
   ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtgtg tttagacttt tcaagtatct1740
30  aactcatttc caaacatgta ccatgtttta taaacctctt gatttccagc aacatactat1800
   agaaaacacc tgctactcaa aacacaactt ctcagtgtca tccattgctg tegttagaga1860
   caacatagca atatctggta tgttgcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagttgg1920
   tgcattagtt gtatctgatg gatataaatt tgccctctag ttcactttgt gtcaagagct1980
   aaaactgtga acctaacctt ctcttattgg tgggtaataa ctgaaaataa agattttatt2040
35  tcatgctcac ttcttaaaag tcataaaaac aatcaaatag gatcatgttt attgtcatgt2100
   gtttctctgg ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtgtt tataattttt aaattgaatt2160
   ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaagggtact2220
   tatcttaatg actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaatccaa2280
   ggacttcttg ggatttaac taattgtcac ttcgttaggc agatgcactt ttttgataaa2340
40  tggaaagtta agcataccga atgctacttt tgggtgacaa acgggcctaa tagtccgggg2400
   ggaaatccct aacgggtaag ggtcccaagt atgg 2434

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 798 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

gcctatatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaaag 60
ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
10 aaacaataaaa taggagactt tagcacactt cacttgtttc tagaagtcca gaattttgga180
cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
cctcagagta gcaaagtttc tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaggga300
tagaagaccc ttggacctgg caggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgatt360
tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
15 atttgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggg480
gaccacctca gatctctatt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
ctcttgaccc tgcactgtaa gttgcccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
gcttatccag aacggtggca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660
cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttgtt gaaaaaagtg ggcaagacat720
20 gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttggat aaagactttt taatttttaa780
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa 798

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

attccaaaca tggcgggtcc actagggggt atgttttctg ggcagccacc cgggtccccct 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct120
agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca180
50 tctctgggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccggtgtt240
gatcagtgtg tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacaa300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccccg cgacatccct480

cagggtcct tggcctacct ggagcaggca tctgcccaaca tccctgcacc tctgaagcca540
 acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga gggtggccac600
 acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt660
 ttagttttat gctccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga720
 5 gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta780
 gcaaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatgggtggc tttgcttgtt840
 ttaaattttt gcatgacttt taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 882

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2901 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

actgagtga gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
 ggaacaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aaccccagcg aagaagagg 120
 35 tgaagggcaa gatgaggaca ttttacctct aacccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180
 cctaaaatct ctatttgaaa tcttgattct gatgggaaag caaacatac ctctggatgg 240
 acatgaggct gatgaaatcc cagaaggctt ctttactcca gataactttc aggcactgct 300
 ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagaggt tctgagaaa cggtttgaga caacagcagt 360
 taacacgttg tttgttcaa aaacacagca gaggcagatg ctagagatct gtgagagctg 420
 40 tattcgagaa gaaactctca gggaagttag agactcacac ttcttttcca ttactactga 480
 cgatgtagtg gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttgttgatga 540
 atctcataac ctaagagagg aatttatagg ctctctgctt tatgaagccg atgcagaaat 600
 tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
 tcgtggccag gcttacattg tctctagtgg attttcttcc aaaatgaaag ttgttgcttc 720
 45 tagactttta gagaaatatt cccaagctat ctacacactc tgctcttctt gtgccttaaa 780
 tatgtggttg gcaaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840
 ggaagtgtgt tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttagaacttg acaacgtaat 900
 tgctgttctt tttcagaaca gtaaagaaa gggtaaagaa ctgaaggaaa tctgccattc 960
 tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aatttttagt gaactcctgc aagcacttgt 1020
 50 tttatgttta gatggtataa atagtgcac aaatattaga tggaataact atatagctgg 1080
 ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgtc agattttgat ttcatgttta ctattgttgt 1140
 tcttaaaaat gtcttatctt ttacaagagc ctttgggaaa aacctccagg ggcaaacctc 1200
 tgatgtcttc tttgcggccg gtagcttgac tgcagtactg cattcactca acgaagttag 1260
 tggaaaatat tgaagtttat catgaatttt ggtttgagga agccacaaat ttggcaacca 1320
 55 aacttgatat tcaaagaaa ctccctggga aattccgcag agctcaccag ggtaacttgg 1380
 aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaaccct aagtgtccca acagtggagc 1440
 acattattca ggaacttaaa gatatatctt cagaacagca cctcaaagct cttaaagtct 1500

```

tattctctggt accctcagtc atgggacaac tcaaattcaa tacgtcggag gaacaccatg1560
ctgacatgta tagaagtgac ttacccaatc ctgacacgct gtcagctgag cttcattgtt1620
ggagaatcaa atggaaacac agggggaaag atatagagct tccgtccacc atctatgaag1680
5 cctccacact gcctgacatc aagttttttc ctaatgtgta tgcattgctg aaggtcctgt1740
gtattcttcc tgtgatgaag gttgagaatg agcggatga aaatggacga aagcgtctta1800
aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaaggtcaag taacttggct ttgcttaaca1860
taaattttga tataaaacac gacctggatt taatgggtga cacatatatt aaactctata1920
caagtaagtc agagcttcct acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt1980
ttaaaaaatag gctttcttat atttgatatt tggaagaaaa agccgtaagg tgtatgtaga2040
10 ccacttaatc actaaatata tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata2100
atctacctgt ttaaatggcc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt2160
ccagaagaga acgttgaaag tgccatgttt ccttttgctg gatctctgtt gatggcactc2220
tggaattgtt tcagttaagt catttttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac2280
ttgttggtg ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa2340
15 tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagttaa2400
agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc2460
tcaccaaaca aggatttcag tgtagatttt gtctttcttg aacttaaaga aacaaatgac2520
aaagtttgaa tggaaaagcc tgctgttggt ccacatctcg ttgctgttta cattcctttg2580
tggagcctac atcttcctaa gcttttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgtttcatgg2640
20 ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt ttttctctgt2700
ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaaac ctggaaaacc2760
tacaaaataa gtgttggtgt ttatctagaa aaatatggaa aatattgctg ttatttttgg2820
tgaagaaaaa caattttgta tagtttattt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttaa2880
aaaaaataaa aaaaaaaaaa a
2901
25

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 579 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```

50 aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60
acaacatgac cggaagatt tcctaatactc accacagcct ggctctacct taagtcctta120
ataaaagctt gactgaaggt accaaggtgt gctgaagtgg aagcaaagtt ctccaaagtc180
cagcatggta gacatcagtg gtggtaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240
55 aaaatggaac ctcaagtcta tgcagtccag ctgccctccc caccagaaag tccttgttcc300
agcccaacat cagtgcctct gagtttgttt actagaaaca aaggaagaat ttccttgtaa360

```

aaatatagac agagtagtcc ctggctttct cctcttgag gaaggatgga ttctccatt420
 ccataccatc ttccccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaataa480
 agattgtttt tggtttgagg gcatagggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540
 aattagcttt gtatgttatt aaatgtgtct cgtcaatgc 579

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2809 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

30

35

40

45

50

55

gcagggcctc gtgccgtttg cataaatagg ttttctcact cttctttttt tccttctttt 60
 atccctcact cctccccccta aaccctgctt cagcacaatg gactaattct agcattctga 120
 tcataaggcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaaggaatc tttttaggaa aaatatccag 180
 attattcatc cacttttttt agtatctact aacaactcct tttttctct agagagttat 240
 gaagggaacag gttgtccttg tctggagtca agctaaacac atgatttgtt ttatcagcag 300
 ctggagcaga agttgaaaat gtctttctgt gagacagtaa tttgctactg aagctttatg 360
 gcttgtttgc actgattact ccaggatcca aaaacttggt gaaagtcact gaaacactca 420
 aggcaaatta ctttacagcc ctgagtgtct gtcaccatag ttgacataat gaatatgaat 480
 cccattgggtg tgtgatgtag gaaatcctgt agttgtattt tcttgaactg aaatatttga 540
 ctcaaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcatcttggc attattgttg acaagttgac 600
 atattaaatc tctttgcttt ctggtaagct tagcttttaa aatgcatttt cccttgcct 660
 gtctttaact agatatacat gcttatattt atagtgggtt tcacagacta taaaattgaa 720
 tgtatgaaat ttttatttat atcagtgtt ttaataatga agatattttt ggagtaattg 780
 tgctgtcttg tagcgagtta ttaatcatag taagattttt ttctcttcat ttgctttttt 840
 tgtttcatat taacaatttt ttttttacac ggacacaacc ctctgacagt ctttccaaat 900
 attaaaatca tttgaatatg tatgctgtga tctgaacact gctcaagcca tcaagcagtc 960
 ttcatacagt ttgcattata aaatctcatt aaattctcca agaaaaata agttgaagaa1020
 ttttatttcc tgaccatgca tcccctggat ttctgagttt cagttcagat ttagatgac1080
 aatataagct gccttccgaa attgtcaaca tctgaatgtt aagtccattt tccccatgg1140
 agaagcccggt agttccatga agtatggatt accatttgta tttttcacta acagttaa1200
 tatttttctt attaattgtt tgccttagga atgatgaatt acattttttg ttcttctta1260
 ccataaacat ctgcattcct cagctcagcc ttccttgatg gttgtttctt tataaatggt1320
 tgagctgctg atgcagggtat tgccaagcta acagtacaaa tcattttaaa gaggaagctg1380
 gcgcgtatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattca1440
 acttttaaat ctgattaaag gagtataggt aaagaatagc taggtatata taattgggtg1500
 gacaaatatt cactttattt atattttata tattttttt ttaatttggt aaatactatc1560
 cagttttgta gttgtccttg ttgatttgtg tgatattaaa gtattagtaa taattgccag1620

```

gaaactatca ttagggaggg tttagttggt tgctgtttgg actgggaggg atgattttaa1680
tttagtgcta gaaaccaatt ttagtgactg cacagtttat catttgtcag acagaaggta1740
gctataaagc taccctgtaa gtcatatcaa aaaagttcag aggaagatta gtaaataattt1800
atcaataaaa ataaacattt tgtttttcta atatcttaac atatcctccc ctttaggagg1860
5 aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
cagaagcaca agccaaactg gccgaagaac agttgagaat tgttgaagaa caaagaaaga1980
ttcatgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
aaattatcct gggcaagggg aagtcacaggc caaaactgtc cttctcatta aaaacccagg2100
attaaattgc aaactctgaa cttttttacaa agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
10 tcatgttgaa gtgggttttt gtttttgttt ttgttttttt aatttgtaaa atctggaaag2220
ttagcttggt ctaatagggg ctatgctctg caattccctt tttttttttt ttttttcctt2280
ccactaagtc aaatccttat cagatcattg ttgtattcta aggagtgcg tatttttcac2340
ctgtttggat tctatattag tggctcgagg aagagcagat cacattgtaa aactatggat2400
ggtctgataa ggcttttact gacccactg acttcagagt tatactctgt ttgctacatc2460
15 ataatgctgg ttttgctgac tttttgtttt tttatatatt tataaaaaaa gaaaaagttg2520
gtgattgcat tgggaaattc ccagggtatt actggaccta tgtggtgtat tgttaaacca2580
gtgtccttgt gatactgttg ctcttgatgt tcttgatata ggtaaggaaa cagttgggtca2640
actctgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctct gtccattttg tttttatttc2700
attgacaaaa tcaaacacagc attccccatt gtgtaataaa atgattttgc tgaataaagt2760
20 aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaaaa gaaaacaaaa aaaaaaaaaa 2809

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 910 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

45

```

agttcggcac agagaaagta ttttaacctt cctgtagaga tctctgcat ggaaagggtc 60
caaaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttccac cacacgaggg120
cttttgtatt gttctacttt ttcagccctt tactttctgg ctgaagcatc cccttgagg180
gccatgtata agttgggcta ttagagttca tgggaacatag aacaaccatg aatgagtggc240
50 atgatccgtg cttaatgatc aagtgttact tatctaataa tctctagaa agaaccctgt300
tagatcttgg tttgtgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaagggtt360
gaggaaatca ggcatatgac tttatactta acatcagatc ttttctataa tatcctacta420
ctttgggttt cctagctcca taccacacac ctaaacctgt attatgaatt acatattaca480
aagtcataaa tgtgccatat ggaataacag tacattctag ttggaatcgt ttactctgct540
55 agaatttagg tgtgagattt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tgggtggcatt600
aaattgggtt ctttaaaatg ctttggtggc acttttgtaa acagattgct tctagattgt660
taciaaacca gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt tgtagcttaa tcacattcta720

```

gacttgtgag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780
 tgtcttagct gtaaaaatga gaaagtgttg gttggtttta aaatctggta actccatgat840
 gaaaagaaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900
 aaaaaaaaaa 910

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 1447 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

30 gcgacggcgg cttagaaagt gcttcctgga gcgcagacga ggtcatgaat catgtgacgg 60
 tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcggg gagaaccagg 120
 cagcccagaa accccaggcg tggagattga tccctgcgaga gaaggggggt catcatggcg 180
 gatgacctaa agcgattcct gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggtt ccatgccatt 240
 gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300
 35 catgctttgc gacctggttt cttatccact ttgccccttg caacagacca aggaagcaaa 360
 cttggacttt ccaaaaataa aagtatcatc tgttactata acacctacca ggtggttcaa 420
 tttaatcgtt tacctttggt ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480
 attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttgtttgaag aactgagaca agttgtggaa 540
 gtttcttaat ctgacagtgg ttccagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600
 40 caatccagca atctttagac tacaataata cttttatcca tgtgctcaag aaagggcccc 660
 tttttccaac ttataactaaa gagctagcat atagatgtaa tttatagata gatcagttgc 720
 tatattttct ggtgtagggt ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780
 ttcagctctat cacagctccc atggagttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840
 attcagtgga tcagaatcaa actgggtacat tgatccactt gagccgttaa gtgctgccaa 900
 45 ttgtacaata tgcccaggct tgcagaataa agccaaacttt ttattgtgaa taataataag 960
 gacatatattt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtgaggaa cataaaatgg1020
 cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaaccttc ctttgtacat attattttgc1080
 agtataagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag aggggtgctgc tctttaatgall140
 aaatgaaaat tatagctaat gttttttcct caaactctgc tttctgtaac caatcagtg1200
 50 tttaatgttt gtgtgttctt cataaaattt aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260
 tagtatgtat gtaaacatga tagtacagcc atttttttca tatgtgagta aaaataaaat1320
 agtattttta aaaatataaa aaaaaaaaaa aaaaaataat ttttttggtc agactttttc1380
 caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440
 ttgtaaa 1447

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```
25 agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60
   aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
   aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggaag180
   gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacatc ccagaaagag gggcaagaac240
   cccatgaaag ctgtgggact ggccctgggccc atcggcttcc cttgtggtat cctcctcttc300
   atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
30 atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggcttc ctcccagagt420
   gccccgtccc ctgatgttg gtctgggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
   gctattgact gttaagtcc caggtttggc ccagattcca gttcgtgctt ctgaggtcca540
   ccagagggcg catgaagccc aggtgtgtgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
   ccaccaaagg caataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
35 aaaagtcgac c                                     671
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 803 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

gaagatgagg tggagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
aaaaaatcag agaaagatac aaattctaaa gtaaaacca aaggcaaagt tcgatggact120
10 ggttctcgga cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctctggc180
agtgaataat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaacatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgcga tagtgatgac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
atcatccag atggagaatg gttctgcccc ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
15 ttagaggaac agttgcagga tttggatgtt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga480
agaaaagaac gcttgggtga tgttggatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600
ttgcttgaag ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaag aagccgatgg aggaggagtt720
20 ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780
ttggatgaaa aaataataac ggc 803

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 828 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

agcacttcca ggctggggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcggcgg gcgaaggcac 60
gtcgagcggg ggagcggcgc tgcctgtgga gatccgcgga ggccgacagg attcgttggc120
tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180
50 ccaagtgcga gcagtactag cccaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacgggtcat240
tctcatgaag atgacaatcc atttgcagag tacatgtgga tggaaaatga agaagaattc300
aacagacaaa tagaagagga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360
atgtctggaag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctcgagatct cccacaaact420
atggaccaa tccaagacca gtttaatgac cttgttatca gtgatggctc ttctctggaa480
55 gatcttgtgg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttgttcc tgggggtgaag540

tacggaaata tttgagtaga cggggccctc ttttgggtga tgtagcacia tttccacact600
 gtgaaggcag tattagaaga ctttaattga aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660
 gcattgccaa agtttttgggt agtcttgcat gcttaataaa agtgctgaga cacttggtac720
 ctaagtaaaa agcctgggtcc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gccccatggc780
 5 cttggatggt ggaagaccgc caaggggaag gaaccaccag gcccaagt 828

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 552 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

30 ttggtttccg gcgccaacca atgtgggagc tgtaatagta agagcttcct aaccaaagct 60
 tggattacc gtgtggggtt tcgttttttt cgtggtggtt tatttgattt tgatttttttt120
 ttcttttatg tgatcttttg gaaaacacat tcagaattat atctcgtttc tacttaaatg180
 tagtgcttag ggtaattttt ttgtactgaa gtctttattg gtgggtgcat gctactggga240
 35 acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat300
 cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tgttggttg aacaaaataa tatgtatttt360
 gatttactta aagtgccttg aaatttctta gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420
 tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480
 tgggaaccgc acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgaggc540
 40 cttgtctaatt tc 552

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 993 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```
gcggtattaa tatttaattt atttttttta cttataggtc atgttgatgt ctatgataaa 60
cagatgtttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcatttt tctcattcgt tttctttggt120
gggttcattt ttttgaatca accacacttc attattttcta ttaagcaatt tgacaggact180
gttgtagcct gcagtgtagt aaaccttctc atcgaaaact tttccatctt cccttaaaat240
gcttgctaag gtcaaaagtt gttcttgatt cttttgggca ctagaaaatc catcgaaaga300
ccgtacaaac acagtcattt cggctctatc ttcaatgaag acatctgact ctaaaggcct360
gggtggatca aattgctgtt cagagggaat atacaggga atggtaatgg tagactcact420
aaaaggacct gaaccaggct ccacgtagct tgtcactgga gctgtcatct ttattttcat480
ctctttctcg tttttgcctt gaatgtagct gttcagtttc gtaaagcccg tctggatggc540
tgaatcccag tccatagact ccacggacgt gctgaccac ttggctgggc catagtgtcg600
gatctcataa cttccgggct gggggccggc gtccctccgg gccttccage ccggcgctctc660
cacagcttgg gccgccgct cctcggccgc cccggggtct ggctggagcg gctcggccat720
ggcgcgctg acgctctggg agcctgttca gccgcgcaga ggccccgcac cccgggcccgc780
ccgcctcg tgtgcgcgcc ccgcgcaggc cccgagtcct cctccgcaga cccggtccct840
cctccgggcc gggtgggaga cccgagccca cccgatgcgt ctgcctctgg accgcgaggg900
ggcgccgcca ccaaggcggg gccggctcac gaccccgac agctccggcc ggagttgcgc960
gtcctgcccc cgcccccccg cggcgacagg gag 993
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

ctgcacctta gaaaaaaaaa gaaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaaac aaaaaaagaa 60
ggaaaaatctt ggaggggtggg cgtgggaact caggacccca gagtggcgag tgggtgtggg 120
agggagagcc tctctcccc ttttctgtgt gagaggaact cttagtgtct ggtgcagcta 180
ttaaattgtc aatgtgtcaa gtagcttgtt ttacacgcta caacatagct ctttgtaac 240
5 ccattgtata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa tttaactttt ccttagaata 300
caaaaagtca tgcattgtct ggggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
atactgattc cagttaata gaagcctaaga tccaatctgt ctaatacagt gaccccttag 420
ccatccgggc ctggcaatat acaatttttt ttccccctca agtttgtaac actcccttc 480
cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaaattgat tctgaatttg aattaacttt 540
10 ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaaagctg 600
gggctgggaa ttgctgggtc aatgtttcat tagacttaag aacctaaaat ttttctcagt 660
tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctctta 720
tttatgcctt gaggactaat ttctgtgttt ctactgttta atgcactgtt gaccttcata 780
atggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt ggggtctca tacaggggtg tgggcgatgc 840
15 atgctttatt aaggctcttg ttccacctgg cagtgtactg tatcaacgta taatacagaa 900
aaaaaatctc tttaagggtc tccttcacaa agacatagag tgaaactccc ttacatgtc 960
agtatttgtt caacacttta ggcaacttga ctgtcagtgt taaaatggaa aacaggaaaa1020
tggaaaaatc tgaccaatc tgccaccttg agactttcat atagacctg cacaacaatt1080
gtatagatca cacaccggct gtatttaata tgtaacattt tcacacatat taaagatacal140
20 gaagtattaa aaaaccccca atgttaattg atttgcttaa aaggcacaag ttccacatat1200
ctgtctagct atctgttggg aatacagaaa gtataactact tttttaaaaa agtgggcag1260
attcttgtgt atgtatatatt gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat1320
atatatagat aatatataaa tttttttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaaa1380
ttccacagcc tgtgaagaaa ttttcaaaa tggccataaa ggaggtaaaa atgaaaaccal440
25 taacctaaact tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgcggagg actttcttgc1500
ttgaatctgt tccgggctgt ctgctctgtc catcaaatgg gcaggctctg aatggggcac1560
cttcggccgt tcagaagtgg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcgacacal620
ctaaggtttt gattttgaat tcagcctta ttagaagatc taacctaaaga gtaagctaac1680
cacagggtatt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctatttttt ccagcaagtal740
30 gattcttcca gtttttccaa ggagtaattt ccccgaaattg gcataccacg gcgtggacag1800
ctgatatttc acccagctgc tggcttgtgg gtgtggctct ttgctttata tatatatacal860
cacatgtgag tctggctggg ctggtatttt gtttgatctt cctggaaatg agcagtgaact1920
aacgtccaca taactgggtt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac1980
tcatttcgtt ttacttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc2040
35 acttgatttg ctgggtttgg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca2100
attccattaa gcaagaaggt aagcaaaaaga caaaaaaaa aaagggaata aaaaaaaact2160
tgcacgggct tgtctcactt acgaaacatg tcggagctgt ttgcctgggt ggggctgggt2220
accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag 2273

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 986 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```
gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtaacca tttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
tggatacttg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
10 gattaaaaaga catctttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgttag240
attgcatctc agtggttaaat ctttactgat agatgtactt aagtaaatca tgaaaattct300
acttgtaact atagaagtga attgtggacg taaaatgggt gtgctatttg gataatggca360
ctaggcagca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgat gtataaaata420
aaatattctt tgcagtaaaa tattcccttt gttaatgtta tagaaggggg gatacaaaaa480
15 ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga tatttttatt ttagtatttc ctgttttgg540
ttatttgcat cttagaagag cataatgaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
gttttgacct gggttaaccc ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
taatctttgc ctggagtgac actacactct agaatttcca ctttgagaa tactcagttc720
caacttgtga ttctgatag aacagacttt acttttctag cccagcattg atctagaagc780
20 agaggaatcc cagcgccttt taaaagttgt tatgtggttt tcttttaaaa agctcctgtt840
tttgaaagt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaacc900
atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaaag gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaagg960
aaaaagaaaa agggaggggag aagaga 986
```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 526 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```
gcgtctatat tacatttatt gacactggat atttattatc tggtatatac caggcaaaat 60
ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
gcacagaaca aattatttgt tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
ctttatagaa acttcatttt gctaagttag caaccattca tttttttgggt tactcttcat240
gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca tttaatat300
caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttgtgtt tgacaaagcg360
55 tcatccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtg aacggtatga tacctaaaaa420
```

gaaaaaagag ttaatcacct ctcttgata tgaatgctat tagaagtttg ttgactttctc480
ctaaattgat aattgccttt ctgatctat aatgtagaga gcaaaa 526

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttgtc aaataataat 60
ttatttttaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120
gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180
ggctggaaaag gtggttggtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcaaa gctatgcata 240
acagatgagc ttgaaagctg cagagtttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300
agccagtcac gatatttatt taatttgttg tcttcagggt gcaccaatcc catgaagctc 360
aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcatctgag aacttgacaa tggtttttgc 420
ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagttctgac acatctctcc agtctgcggt 480
tcttgctacc tcagctgaag gatacttctc cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540
tttgctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtga ccgaggagggt gtccatttct taaaggcttt 660
acgtcgtggg gggctaagag cttctttggt atatttgctg gaaaaataca ggcttgttt 720
ccttctttct atctgtgttc gtgggatggt atcttcagtg aagtctttcc tggttggtga 780
gcagttgttg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaaat gttctttcct 840
ttccacaact tctacttttg ttccgatttc ttcagattct aaaaagggtat cctcatactt 900
ctcgttggtg tctgagtcct tggctgaaca aaatttggtt atgatgccag aagttttttg 960
ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatctttct ttttttttta caaggctgtt1020
45 ttcttctactg gtcacactga ggggtctcac acatgctcca gcatcagaaa tgcagacagt1080
tctatcaagc tgactttttt gtgcaacagg ttcactttca gcatctgctt tattacacac1140
agattctctt ttgtatcac ttgtaacaaa acctgaacag ctcttcctac atcctttttt1200
agttttctta attgggattc ctttcaaaat agtcaccttt cctttgggct ttctaaccct1260
tctgaagtta acatcatcaa caccctcatc ttctttcaaa agcaaatgag tggaaagtaa1320
50 gttagagagt cctctgctct cctgcaactc tgaactacta cttggcggca taaacacatc1380
ctttttgcac ttgcttcggg tcttgagggt ccagtttgaa ttgttacttt ggtttttag1440
atgggatgtc agggctgcca tgctgcagtc tttatatctt gacttgatac cccttttaga1500
aagtacagta aaatcaaaaat cttctggctt aagagaagtc tctccatttt tgtgaagata1560
attagcaagt gaacttttgg atctgaactt cagtccttgt gggctagaaa atgatatta1620
55 aggaactta ctgctagtaa atagaaggga cttttaaaag aactggacca catctcagat1680
ttctaattaa tttccaaatg ttgccatag tatctgtcat ttaaaaatga aaaagagtga1740

taaatggcac ttttaaattgg tttcc

1765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

30

```
gtttttttttt gttttcttta aatttggatg tctctacacc actcctgatt tgtaggacta 60
aatagatcta tttattccaa tgcaaattgt gtaacattta tttcttcctt gatttttaaa120
aatacttttag tattcttaac tatgtatgtg ccttctctta cactgagttc ttttttgctc180
ctttcagctg ctcacacaat cctgtctggt ggagtcatag ctgctaattc catattattt240
ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaccct tctgtgttct aggaaacaaa300
tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct360
ttgtaagata gtaagtttag aatttcacag tcatgtctcc aaatttcatg gcagagttaa420
35 aaaaacaata taagactgtg gtaaggatca aacgcaaag caatttgcgt tgactaattt480
cctaggactt atttccttat gtaaaacccc tgttctttct ttcctgccac aagacaggg540
acaaagcttt ctaaaacatg ctctcagggtg tccacacctg agacattgct ttgtggatac600
tctcaaagggt gtccacaaaag caaaaaaatc agaccaaatg ctaagagcaa gtaacttata660
cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgtttt720
40 tgctaaatta ctaaaataat agccgc 746
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```
agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60
ttggttgcca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120
15 tgtttgtgca ttgggaatga cattctttcc caccocagga aaacctttgg gactttcaga180
gacattgtgg ctagccaacc acatggtcag cctcaaagtt gagaggctca gtaaccctcc240
tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc300
tgtgatccctc tggaagtatg ctatgtttgtg tatactctgc atccaaagcc agagggaacc360
acaatgacta gtaaaacggt ggtctcaatg ccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420
20 atagtggcgt tcagctgata gagcggaag aagaaatatg cattttttat gaaaaataa480
atatccaaga gaagatgaaa ctaaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540
tccaattcct gaaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttgtgtg acccagaaat600
tactgccagc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt gctccaaatt cagttttca 659
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```
cgcagtgcgc agccgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcggcgcc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgcgcgcgcc ttctccctgg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcatacctt gtttttggac240
acagtctctt tactcagatc agctagtctt acatatgaat tttcttatat gtctctcaac300
aagtgcctaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaaggctt gttgattagg ctgggocg 357
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

25

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgccg gactccgctc agtttccggt120
gcggcgaaca ccaagtcgcg ggaacttaag cattttcggg ttctaggggt gttacgaagc180
tgcaggagcg agatggaggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag240
30 cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300
aatgggcttc ccaaactc ctactggttg gacctctggc ttttcactct tttcgatgtg360
gtgggtgttc tctttgtgta ttttttgcca tgactgttc gctgatatct aaattaagaa420
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttcct ttcattttac actttgttac540
35 taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa600
attaaaccct ttgggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg660
aatataaaag catttgctact taaaggctct gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720
tttaaatgtt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa780
taaggggaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaaggg840
40 ttttgagagg aggggggccc aaggtgttcc tgggggtttgc cgaggagggc 890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 651 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaag gtgttgccgc tttataagcg ggcgctacgc 60
cacctcgagt cgtggtgcgt ccagagagac aaataccgat actttgcttg tttgatgaga120
15 gcccggtttg aagaacataa gaatgaaaag gatatggcga aggccaccca gctgctgaag180
gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt ccctgactct240
cctgggggca cctcctatga gagatacgat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat300
gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg360
aagaaactgc ggaggggaaag ctgggaacga gaggttaagc agctgcagga ggaaacgcca420
20 cctggtggtc ctttaactga agctttgccc cctgcccga aggaaggtga tttgccccca480
ctgtggtggt atattgtgac cagaccccg gagcggcca ttagaaaaga gagagacctc540
atctttcatg cttgcaagtg aaatatgtta cagaacatgc acttgcccta ataaaaaatc600
agtgaatgg taaaaaaaaa agtgccattg tagtatgcaa taataagcgg c 651

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1256 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

ctcgagccga attcggctcg agctttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcatttaa 60
50 acattaccca gcatcattgt ttataatcag aaactctggt cttctgtct ggtggcactt 120
agagtctttt gtgccataat gcagcagtat ggaggaggga ttttatggag aaatggggat 180
agtcttcatg accacaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt tttgaaaagg 240
ttattatact tcttaacaat tcttttttca gggacttttc tagctgtatg actgttactt 300

```

aaactatcta aaatagagca ttttggtatc tttcatctga ccatccatat ccaatgttct 360
catttaaaaca ttaccagca tcattgttta taatcagaaa ctctggctct tctgtctggg 420
ggcacttaga gtcttttgtg ccataatgca gcagtatgga gggaggattt tatggagaaa 480
tggggatagt cttcatgacc acaaataaat aaaggaaaac taagctgcat tgtgggtttt 540
5 gaaaagggtta ttatacttct taacaattct ttttttcagg gacttttcta gctgtatgac 600
tgttacttga ccttctttga aaagcattcc caaatgctc tattttagat agattaacat 660
taaccaacat aatttttttt agatcgagtc agcataaatt tctaagtcag cctctagtcg 720
tgggttcatt ctttcacctg cattttatgt ggtgtttgtc tgaagaaagg aaaggagaaa 780
gcaaatacga attgtactat ttgtaccaa tctttgggat tcattggcaa ataatttcag 840
10 tgtgggtgat tattaaatag aaaaaaaaaa tttgttttcc taggttgaag gtctaattga 900
tacgtttgac ttatgatgac catttatgca ctttcaaatg aatttgcttt caaaataaat 960
gaagagcagc tgctcttctt tcctctttta agtggtcagc tgtggcatgc tcagagggttc 1020
ctgctggatt ccagctggag cgggtgtgata cccttctttt tcagctgttc gtgccttctt 1080
ttcttgtatc caccaaagtg gagacaaata catgatctca aagatacaca gtacctactt 1140
15 aattccagct gatgggagac caaagaattt gcaagtggat gggttggat cactgtaaat 1200
aaaaagaggg cctgggaatt cttgcgattc catctctaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1256

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 694 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

gtttctaaag gatgtgtaag aaaccagagg taaaggcttc gcgatatctt aagacatccg 60
gcgtagtacg cttcagttag ccacagcgct agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt 120
gccgttgccg aggagactag gagggggagg agaggggagc tcgcaaaagg aaagaggtcg 180
45 ggagcgctcg cgagatctcg gaccacccaa cctgaaagggt gcttaggaag ttgaaaggcc 240
cagaggaggc ctccgggcaa atggccggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga 300
atggctgttg cagtcggcgt cagagcagct ccagtgtggt ggattcggac ggagagcgcg 360
aggactcggc ggctgagcgc gcccgacagc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc 420
gcattcgcat gacagatgga cggacactgg tcgggtgctt cctctgcact gaccgtgact 480
50 gcaatgtcat cctgggctcg gcgcaggagt tcctcaagcc gtcggattcc ttctctgccg 540
gggagccccg tgtgtctggc ctggccatgt taccggaca ccacatcgtt tccattgagg 600
tgcagagga gagtctgacc gggcctcgt atctctgacc acgatggcgc ttacctttca 660
gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaa aaaa 694

```

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```
25  gcgagtattt attttttttt tttttttttt acagaaattg acctttattt gttgtactaa 60
    agcctgttta acttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120
    tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtcccac tctgcctgta acttagaaaa 180
    cagccccctac ccccgagagg tctgcgagtt aataccttga gaatagtcta cagtttttca 240
    tagtttgtct gagctagaaa acttgtagct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300
    acttgctctt tttttgaaca actgtgcaag aaaatatatc cttttttaaa aaacatcagt 360
30  tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420
    ctgcctagta aaatgaaatg ttaggaacag tattaaaata taggtcctac cccaacgaca 480
    cttacacaga gcccgagtaca gtacctatta ttaacaggac gcatagctta aggaggaacc 540
    acatcaaate ttcagccaga catatctagc ctacagaagt caaaaaaaaa aaaagcccc 600
    aaacgaagac acccacactg agtaggggtg atgccgtgag tgctgtaatc aagattaaaa 660
35  agacctcagt ttttcttttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttcccctaa 720
    aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tgttttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780
    tgccaccctc taaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgcactgatg aaggctgtca 840
    cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccacctg 900
    gacccccactg cagccctgcc cacgcagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960
40  agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga1020
    gtttgtaaga atgccaaagt caccttcccc attgtgggag gaaaatgcc aaggcactgg1080
    ttctgctgcc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccttccag gagaggtgcc1140
    accaaggagc aggaggtttg tcaaagctct ggtcccacca acaagaacct cccaaagca1200
    agcagcccc attgaggttc caaggtcgtt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacal260
45  aagcgacagg ggggtgacag aggggacagg ggctgggcac cggcaacatg gagccgttca1320
    agtaaacata aaccaccaa tacttagaaa aggcttgtaa acgagtgatc cgaaaggttc1380
    tctttgcagc atctctgatc agctggctaa agaaaggtgg gtgctgaacc cgtctttagt1440
    gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gagtgtgtgg gcctgggcct1500
    ggatcgacag cagccgtggc cctctgtcta caaaggaggt gcttctgggt cctggttccg1560
50  gatccttccc ccgcatgttc atagacggac agacttctac tttcagtcgc tagaaaagag1620
    ctgagtcctg tgtccctcca ggccggcagc tgcagtcac cacagcacag cattctccta1680
    gagcgggcag gctggaatcc acaggacttt attttgttct tgattgacca ttgccaagat1740
    ctgagtgc aaatgctgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaag agccccccag1800
    acacgtcatt cagctcagag taagacccca ggtttgaggc aaggcagtag agcttgact1860
55  ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac tctgtccat cccacctga1920
    ctctcct
```

1927

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 672 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```
25 gccttttttat tttttttttt tggctggttat gctgcattta ttatgagaat caacagtc aa 60
   cagttaatga ttgactaact cttgttggtc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120
   agggctacag cgctgctttt atgctacacg gggtatgctt ggactctgac tcccagcagc180
   aggtagattc aggaattcat ggcagtgcac ttcacccatca tgggaaacac cttccctttt240
   cttcaggatt ctctgtagtg gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300
30 agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggttc taagggtgcc aagaagtctca360
   ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac tttcggaatc gccaagtcaa aactttctaa420
   cttctgtctc tctcagagac aagtgcagct caagagtcta ctgctttagt ggcaactaca480
   gaaaactggt gttaccacaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat atttcaaagc540
   tccgcaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttaggggt tcttctcttt cctttctctt600
35 tgtttagtct tcgttctctt tttcagtttc catcagatct cccctcgtg ccactggaat660
   ctcagaggtt gc 672
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

10 ccgcaccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgccg cttgtggcgc tctcctacaa tctggccagg120
gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180
cagaccctct ccagaagttg gggatgaaca ctcactctga ctcagacgta tgaagaagct240
ctatataaat cgagactagc aactaacc 269

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 604 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

40 tgcgagggcg ggatagctgt ccaaggtctc cccagcact gaggagctcg cctgctgccc 60
tcttgccgcg gggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta gggccagaa120
tggtacaac agtccctgat ggttgccgca atggcctgaa atccaagtac tacagacttt180
gtgataaggc tgaagcttgg ggcacgtcc tagaaacggg ggccacagcc ggggttggtga240
cctcgggtggc cttcatgctc actctcccga tctcgtctg caaggtgcag gactccaaca300
ggcgaataat gctgcctact cagtttctct tctcctggg tgtgttggc atctttggcc360
45 tcaccttcgc cttcatcctc ggactggacg ggagcacagg gccacacgc ttcttctct420
ttgggatact cttttccatc tgcttctcct gctgctggc tcatgctgtc agtctgacca480
agctcgtccg ggggaggaag cccctttccc ggttggtgat tctgggtctg gccgtgggct540
tcagcctagt ccaggatgtt atcgctattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600
aggt 604

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

ctttaatgtg cctagagcaa tggaaatgggg cactttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60
ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctcttttcc ttctgggcat cctctcctct120
gttctaatacc tcccttacac tcattcctgg tccattgtat tctgaccaca tccttaatca180
25 tgggtcaaaac tattgagtc tgggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240
actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300
tggccaagct cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt360
tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtgggtgga gggagatggg tctggcaggg420
gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattgggaa480
30 actgattata accactcggg caccatcgat gccacgaga tgaggacagc cctcaggaag540
gcagggtttca cctcaacag ccagggtgcag cagaccattg ccctgcggta tgcgtgcagc600
aagcttggca tcaactttga cagcttcgtg gcttgtatga tccgcctgga gaccctcttc660
aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccgag720
tggctgtgct gcgtgttggt ctgaccgcgc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780
35 c 781

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 304 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

10 ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgtactc gtgcgcctcg ctttgctttt 60
cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtcga120
aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac180
aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgccg ccaagtatgc actgagatgc240
gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaagg300
gtgg 304

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

40 aattcggatc catgggccac agtggatggc ttgaaatgtg gctgagcgtc tcggacactt 60
cggatccatg gtggccaccc caagacgcgc cccagcccg ccatggcccgg atcctccggg 120
atcctgcctt ctgtccctgc tcctggcccg gtttggtccg ccgggccggg gacaagagaa 180
gtctaagaca gactgccatg gcggtatgag tggtagcatc tacgagtatg gagccctcac 240
catcgatggg gaggaataca ttcccttttaa gcagtatgca ggcaaatata tcctctttgt 300
45 caacgtagcc agctactgag gtctgacaga ccaatacctt gaactgaatg cactacaaga 360
agaacttggg ccatttggct tggctattct gggcttcctt tccaaccaat ttggcaaca 420
ggagccaggc gagaactcgg agatactccc cagtctcaag tatgttcgac caggtggggg 480
ctttgtgcct aatttccagc tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagcagaa 540
attctacact ttccctgaaga actcctgccc tcccactgca gaactcctgg gctcacctgg 600
50 ccgctctttt tgggaaccca tgaagatcca tgacatccgc tggaaactttg agaagttcct 660
ggtggggcca gatggcatag cggttatgag ctggtaccac cggaccacag tcagcaacgt 720
caagatggac atcctgtctt acatgaggcg gcaggcagcc ctgagcgcca gggggaagta 780
actgatgccc ccaccctacc cctacccctt gccatcatg caagggccga ggaggggctc 840
ttcaggaagg aagccacatt cccagtcatt ctaccccccac cccagattct ctttcttatt 900
55 acataaaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960

```

tcccagtggtg tgcattggcta cacagccacg tatctgcctg cttgaaaccc agggatgggtc1020
catctgtgtt tacggcttggt cacaacaccc tcatattttt ttcagctttc tgttccaaat1080
gagcccaaag gaaacacaag ttctagggtcc aatggttctg ctcaaacctg aacatcattc1140
5 ttggggccag catctcccac atgcccacac tacacaccac cagcctcctt ctcccttctc1200
gaaggacctt cctgagcccc caagcccacg ccacagtgtt cctgagacca gccaaagaca1260
ctgtgagcgc gatggcgggtg taccctcagg caggggtggt gtctctatga aggagggggc1320
cgaagccctt gtgggcgggc ctcccctgag cccgtctgtg gtgccagccc ttagtgcat1380
caggcttagg ctcccaggca gggacactac cccgcgcctt ctggaggaca tgcatactc1440
tcaactctgt cactggtatc tcaacacccc catctgcccc gtaaagggtt ttctgcagca1500
10 aaaaaaaaaa agaaaaaaaa aaaaaaaaaa                                     1528

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 499 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

35 ggcaggtctc agcgtctctc cccctgctcc gctcctctgc agggcccagg cgcccttggc 60
cttaggacct aacttctctt accgccatgg agttcgacct gggagcagcc ctggagccca120
cctcccagaa gcccggtgtg ggggcggggc acgggggaga tcccaagctc agtccccaca180
aagttcaggg ccggtcggag gcaggggcag gtccgggtcc aaagcaagga caccacagct240
40 cttccgactc cagcagcagc tccagcgatt cggacacgga tgtgaagtcc cagctgctg300
gctccaagca gcacgagagc atcccgggca aggccaaagaa gcccaaagtg aagaagaagg360
agaagggcaa gaaggagaag ggcaagaaga aggaggctcc ccactgaagg gccctggaca420
gggctcatta aaccttctct tctgctacg agtaccaccc acctggagct aagatgctta480
45 ggtggggggg ggccgccga                                     499

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1396 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

20

25

30

35

40

```
gggcacccgt tagttgggaa cagcggaaacg ctggtccccg ggactgagta aggtgtcttg 60
atcggagggga ggttcgggtg ggcacggggc ggctggaaga gctcgactcg tcccgtctgg 120
aaagcgcgag tctgagtggg accctggacg acttgacagag cggctggcgc agtcatggcg 180
gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgtct gatagcagac 240
aataggccta gtgttgaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300
aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
aaggagttag ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaagagga ttgaaaaaga 420
cttggcttag agtcagaaat tttggagcca agcataaacac cagtaaccag cactatccca 480
cctacctcga catcaaatca acagaaagaa aagaaagaga agaagaaaaa aagatccttc 540
aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
ctcaggagca tctcagtggg agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
agtgaagacc gtttgggtag aagggtttaag tgaagatggt ttacctatt actataatac 720
agaaacagga gaatccagat gggagaaacc tgatgatctt attccacaca ctagtgatct 780
gccttctagt aagggtcaatg aaaattcact tggcacccta gatgaatcca aatcatcaga 840
ttcgcatagt gattctgatg gggaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900
agaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaaat agtgatggag gaagtgaccc 960
agaaacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaaa1020
atcgaaaact cttaagaaat caaacccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt1080
tgagtctcat gaggaggtag atttggaact tccaagcact gaaaatgagt atgtatcaac1140
ttcagaagct gatggtggcg gagaacccaa agtggtatct aaagaaaaaa cagtcacttc1200
tcttggagtt atggcagatg gagtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg1260
ggaaaatctt aggaaaatct aagggcaacg agtgatgat ccaatagttt gcaggagag1320
cttttttggg acatgctttt tagggaccag aatggggaga ctttttgcca cccccaagt1380
ttgtcccggtg ttttgt 1396
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 808 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```
10 cctctgtcca ctgctttcgt gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
   ttggagtctt tctagctcct gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca 120
   acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg 180
   ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg 240
   ctgcaaccag actctttcaa aagaagacat gcattgtgca caaatgaac aaggaagtca 300
15 tgcctccat tcaatccctt gatgcaactg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaagggac 360
   caggaggacc acctcccaag ggctgatgt actcagtcaa cccaaacaaa gtcgatgacc 420
   tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaaaca tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg 480
   aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcaggaac gtgctacacg accagtgtac 540
   tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacggtgga gaactaaaca attttttaa 600
20 gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtgg 660
   tttaccatgt cattctgaaa tttttctcta ctagttatgt ttgatttctt taagtttcaa 720
   taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc 780
   aaagatcacc caggtgggaa gaggtgga 808
```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1139 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```
50 tttttttttt tttttttttt ttttttgcag caatacctcc tttatttgat ccctgtttat 60
   gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120
   catggaaaag tattttttaa aatcgaataa tcctattcaa gtcaaccagt gtttaacccg 180
   gtgtgcttcc tgccagtctg ttctctccca tgggagtcac acaaatgaa aatctcctag 240
   aaagagaaat tcctctgtcc tctgacttct tcacttagta cgtgcgacc ttcccatgtt 300
   gttcaacatc ctcaactcgg agcgtcactg gctggagggt gtctataaat ggaattggct 360
```

```

taactatctc ttcactgaaa ggtggacatt tagggagtgt ccagttttca gctgtcataa 420
acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcgt tcccttcgct ttgaacttct 480
tcgcagaccg ttcacttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaatgtag gaaataaagc 540
catcggtttc cacagtgaac acgcagttta gcttggggat aactttcagg cggctcttct 600
5 tgggtgataat tttgaaaatg tgctttgttt cctgtagaag gattcctgta ataccacat 660
aagaggggca tttggatttt gtactgaaa taatagcccc gtgaagatct gcctttaaga 720
gcttggcctg aatcatctgt ggctgcgtgt ctggcttgag cccactgcac aggtccctga 780
tgtactgttt ccagagttca tggagagggg gaaaaaggct gtatctctgc tgctctggtt 840
taatgtcaaa gagccgcagc tccctccttt gcctggcaga gaagcctttg gctttcttct 900
10 tcttctcctt gcgcttgtgg cgggtgaagt actccaggac caccgccttg cgctgcagct 960
ggctctcgcg ggcttgcggg ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaggaagg ccctcacgaal020
ggcctcggcc cgctgtgctc ctgaaggctg gacatcgag tcattcgctt ctttctgagal080
caatgcatgg tagatcacac tcttcattct cggaccgctt ccggcgctct ctgatgacg 1139

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcccacgcgt ccggtcgcgg ccggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
40 aagacagcca gttgctctca tgcggttatt gtctttcaat gtgcctcata ttaaaaacag 120
cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttggccaag atataatctc 180
tcctctgcta tctgtgaagg agctaagaga catgggaatc actctgcatc tgcttttaca 240
ctctgatcga gatcctatcc cagatgttcc tgcagtatac tttgtaatgc caactgaaga 300
aaatattgac agaattgtgcc aggatcttcg aaatcaacta tatgaatcat attatttaaa 360
45 ttttatttct gctattttcaa gaagtaaact ggaagatatt gcaaatgcag cgtagcagc 420
tagtgacgta acacaagtag ccaagggttt tgaccaatat ctcaatttta ttactttgga 480
agatgatatg tttgtattat gtaatcaaaa taaggagctt gtttcatatc gtgccattaa 540
caggccagat atcacagaca cggaaatgga aactgttatg gacactatag ttgacagcct 600
cttctgcttt tttgttactc tgggtgctgt tcctataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
50 agcagaaatg gtacagtgga aactagacaa gaaacttcga gaaaatctaa gagatgcaag 720
aaacagtctt tttacagggtg atacacttgg agctggccaa ttcagcttcc agaggccctt 780
attagtcctt gttgacagaa acatagattt ggcaactcct ttacatcata cttggacata 840
tcaagcattg gtgcacgatg tactggattt ccatttaaac aggggttaatt tggagaatc 900
ttcaggagtg gaaaactctc cagctggtgc tagaccaaag agaaaaaaca agaagtctta 960
55 tgatttaact ccggttgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
tgcagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg1080

```

```

acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctgall140
caataccgct aagctaacat cagctgtagg ttctttgccg gaactccttg agaaaaaaag1200
acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaaa1260
attggatgta tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatc1320
5 tcttctagat ataatatcag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgagggtgtt1380
tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataa1440
aaaaagcttta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
ggctttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca ctaaaccaat1560
gggtctttta tcacgagtca tgaatacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaagaa1620
10 cctgggtttt aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
gaagtcaaac cccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaa1740
tgacagctca gttcccagaa ataaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtgggtgg1800
aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tgttgactac ataaagggga aacaaggcaa1860
acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
15 acaacttggg caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtgga1980
taaattgtaaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt cttctctgtt aacagtgtcc2040
taacagtga aatcagagtt atttgttaat ttttaaggaa attatatact taatatgtat2100
tgattaaaag aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taaaaaaa gtcggctacc2160
20 tacacggata atatcgc 2177

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

45 ggcgaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cgtccgccag 60
tggttaaatc ccctggcctt ggctgccctc cttgttgttg acagggaagt gccagtggca120
gcaggaaagc tccctttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
tggtcccaga tgtccaacct ggtctgcggc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
50 cagctctgct tggcccggat aaaaaccaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtggtgggca360
tgagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga 402

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

cttctttttgc catcccatTT ccttggcact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
taggctttct gggtttttaca atgggttgca ccacaatcag gctcatagat ggctccaatt 120
25 taaaaaaaaa ggtaatggtg atggataaaa taagcagatc aagggaagtg tgctatcata 180
aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttcctg gcagatagta aacatccaat 240
cacaagggat ttttcctgaa gggtgtaaag ctgggttgaa aattcttcag tcacagagca 300
gcctacacat gccaataga aactgacaga cactagatgt gcttggaaga ttaaacacta 360
cgtacagaaa cagcagttac taagctcctc agtagtttct tgtctttttt aagtttcgct 420
30 gaatcgacag tttgcacaac gtgctatatt ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
aaagtggca gattttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacaggt 540
ttagagtcag aaacactctc taaagtgc aaactgatgt ccacgatctc aaatagctaa 600
aactcctgca gaatggaagg gagagacgtg aaacagggaa ataaattaca gtcagtgcta 660
gttaatttag gaaaaggga aaataaacca aactcaagtc ggtaaagttt atcaaaatat 720
35 tcaatgatgt agctttcccc actctctgtc acacacgctt gctaacaagt atattaaatt 780
aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt tttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
acggtcatat ttagtactga aaggcagaca ataaaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaaac ctatatacaa gcatgtgtgt 960
agctcgaaat aaaaataaaa ggactatttc atgtcatgac tgcttggttg cttcctcttc1020
40 atatgcattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg1080
accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttgaaaaa1140
ggccattcct gtgagcaatg aatcagatcc tgctgatgt tgtggtccta tccgttccag1200
ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc accttgaga tttttcctgt catttatgat1260
gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaat ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg1320
45 cgagtcagtg attgacgaaa taatagtgc 1349

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

15

20

25

30

35

40

45

50

55

```
atttaaatctt cattcttcta ctatccccaa tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctccctcatt attagcctct 120
tacccttatt aatatttttc cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaataa gcttcaaaac tgactttttc tctatcctgt 240
ttacatctgt agcccttttt gtcacatgat caattatata attctcttca tgatatatac 300
actcagaccc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
ttatcctcac ctccagccaac aacatatttc aacttttcat tggctgagaa ggggtgggaa 420
ttatatcttt cctactaatt ggatgatggg acggacgaac agacgcaaat actgcagccc 480
tacaagcaat cctctataac cgcacgagag acatcggatt catttttagct atagtttgat 540
tttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
atctaattcc acttataggc ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttggcc 660
tccacccatg actaccatca gcaatagaag gccctacacc agtttcagca ctactacact 720
caagtacaat agtagttgca ggaattttcc tactggtccg attccacccc ctacagacta 780
ataataactt tattttaaca actatacttt gctcggagc cctaaccaca ttatttacag 840
ctatttgtgc tctaccccaa aacgacatca aaaaaatcat tgccttctct acatcaagcc 900
aactaggcct gataatagtg acgctaggaa taaaccaacc acacctagca ttctacaca 960
tctgtacca cgcattcttc aaagctatac tctttatatg ctctgggtca atcattcata1020
gcctggcaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaaacat cacaaaaatc ataccattca1080
catcatcatg cctagtaatc ggaagcctcg cctcacagg aataccattc ctaacagggt1140
tctactcaaa agacctaatt attgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc1200
tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgta cagcatacga atcatttact1260
tcgtaacaat aacaaaaccg cgttttcccc ccctaattct cattaacgaa aatgaccag1320
acctcataaa cccaatcaaa cgccatagcat tcggaagcat ctttgcagga tttgtcatct1380
catataatat tccaccaacc agcattccag tcttcacaat accatgattt ttaaaaacca1440
cagccctaatt ttttccagta ttaggattcc taatcgact agaactaaac aacctaacca1500
taaaactatc aataaataaa gcaaatccat attcatcctt ctcaacttta ctggggtttt1560
tcccattctat tattcacgcg attacaccca taaaatctct caacctaaag ctaaaaacat1620
ccctaactct cctagacttg atctggttag aaaaaacat cccaaaatcc acctcaactc1680
ttcacacaaa cataaccact ttaacaacca accaaaaagg ctttaattaaa ttgtacttta1740
tatcattcct aattaacatc atcttaatta ttatcttata ctcaattaat ctcgagtaat1800
ctcgataata ataaaaatac ccgcaaacaa agatcaccca gctactacca tcattcaagt1860
agcacaacta tatattgccc ctaccccaat cctccttcc aacataactc caacatcatc1920
aacctcatal atcaaccaat ctcccaaacc atcaagatta attactcaa cttcatcata1980
ataattaagc acacaaatta aaaaaacctc tataatcacc cccaatacta aaaaacccaa2040
aattaatcag ttagatcccc aagtctctgg atattcctca gtagctatag cagtcgtata2100
tccaaacaca accaactccc cccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga2160
tccaccaaac cctaaaacca ttaacaacc aacaaaccca ctaacaatta aacctaacc2220
tccataaata ggtgaaggct ttaatgctaa ccaagacaa ccaacaaaaa ataatgaact2280
taaaacaaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactgcca ccaatgacat2340
gaaaaatcat cggttgtaatt caactacaga aacaccattc ggatccatga aaaacacacc2400
cattatttaa aattattaac cactcattca ttgacctacc tgccccatcc aacatttcat2460
catgatgaaa ctttgggtcc cttctaggag tctgcctaata agtccaaatc attacagggtc2520
ttttcttagc catacactac acatcagata caataacagc cttttcatca gtaacacaca2580
tttgtcgaga cgtaaattac ggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggagcctcaa2640
```

```

tatttttttat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcatatacat2700
ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
taggctacgt ccttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaaacc2820
tcctatcagc catcccatat attggaacaa ccctagtcca atgaatttga gggggcttct2880
5 cagtagacaa agccaccttg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccatttatta2940
tcgcggccct agcaatcggt cacctcctct tcctccacga aacaggatca aacaacccaa3000
caggattaaa ctacagatgca gataaaattc catttcaccc ctactataca atcaaagata3060
tcctaggtat cctaatacata ttcttaattc tcataaccct agtattattt ttcccagaca3120
tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta3180
10 aaccggaatg atatttccta tttgcatacg ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
gaggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaatacct ttccctcata3300
cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag3360
tagccaacct acttatctta acctgaattg ggggccaaac agtagaacac ccatttatta3420
tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat cttaattctt ataccaatct3480
15 caggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaac acgatcggtt3540
gacatatagg gc                                     3552

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 601 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

tttttttttt tttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt atttcttaaa cccacacaga 60
gtaagggcag agcttagaga tgctggcac agcatttctc atccaggatc acttcctcgt120
tctttcttct ttgctgggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180
45 gaatggcagt cgcagggtta ttcaaagtt ggagtcttct caggaagtag gggagactgg240
attcccagct aatggaattt tcaactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt cttccagaaa300
gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgcggctgg360
cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcatctgtat aatcctctag420
aggagctttt gtccctctgt atgatcccag ttggcctaaa actgagttta gtaggtcaat480
50 gattgaattc tgtagttctt tattgattga aactaattct gacaggggga aagccacagt540
cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgcttt agtaggggta600
a                                     601

```

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```
25  agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaaa ccacaaagct acaacactga 60
    ccctctcttt tttttgagac ggagttttgc tcttgttacc caggctggag tgcagtggcg 120
    tgatcttggc tcaactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcct 180
    cccaagtagc tgggtttata ggtgcccgcc accagaccgc gctaattttt tagttttagt 240
    agagacgggg ttccaccacg ttggccagge ttggtcttaa tgacctctt atttttaact 300
    tggatacctg ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg ggttgatttc 360
30  ccccaactccc acaaaactctg aagccagtgt ctagcttact aaaaaagag ttgtatataa 420
    tatttaagat gctgagtatt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
    tctttttttt ttttaatccc cttctaata gaataactag gggaatttca ggggacagag 540
    atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
    tgggtggggc atttttaaga tggctggcta ctcttgtttt ccctcatgat aataaatttg 660
35  tcataactca gtaacatgaa cttgccccta gaggtagttg ttaataattt tgaaatatta 720
    aggtcttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
    tgagctttct gttgcaaata ccttgaggga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggta 840
    acttgactat atatgttgca tcctgtgect cccttcata taatatttga taaagatttt 900
    aatttatgta aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagtcttt 960
40  aggataggca agaccctgta tgaatagtag caaagcatta ccgcatggta gagaacacac 1020
    tcgattaaaa atgttaagct atctgaaaaa taaaatgtgc aagtcttcag gatggcaca 1080
    aacaaagggt aatgcttctt ggggcacatt tcttagaggg cttgctgagt gtgtaaatat 1140
    aatcgacttt tgtttgtgtt acatgacttc tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattca 1200
    gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaagg ttttatctgt gtagaatggg 1260
45  tgtttgactt gttttagcct attaaatttt tattttcttt cactctgtat taaaagtaaa 1320
    acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttctttta 1380
    gtcaggcttt ctgaacattg agatatcctg aacttagagc tcttcaatcc taagattttc 1440
    atgaaaagcc tctcacttga acccaaacca gagtactctt actgcctctt ttctaaatgt 1500
    tcaggaaaag cattgccagt tcagtctttt caaaatgagg gagaaacatt tgccctgcct 1560
50  gtaataacaa gactcagtgc ttatttttta aactgcattt taaaaattgg atagtataat 1620
    aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaatctaa 1680
    acattttata tttccttctt ttggaaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag 1740
    actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtctttga ggtgaattac aaaagtcag 1800
    ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gatttttttt gtacattttg gctgcagtat 1860
55  tgggtgtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtatttatt tattttattac 1920
    tagacctcaa ccacagtctt ctttttcccc ttccacctct ctttgccctg aggatgtact 1980
    gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaaatct acagatctgt tttgtacttt 2040
```


ttatactggtt ggatacttat aatcaaaaact tttactaggg tattgaataa atctagtctt2100
actagaaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 623 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

30 cccacgcgtc cccggaaaacg gcggcgggcgg cgacaggacc gaggggcctt agttggtggg 60
caagtcgggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtccca120
gtccggcct gccagtgagc ttctaccatc atggacctat tgttcgggcg ccggaagacg180
ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gccctgaacc gtgccatgcg ggagctggac240
cgcgagcgac agaaactaga gaccagagg aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300
gccaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggg gcgcacccgg360
35 cgctatgtgc gcaagtttgt attgatgcgg gccaacatcc aggctgtgtc cctcaagatc420
cagacactca agtccaacaa ctgatggca caagccatga aggtgtcac caaggccatg480
ggcaccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540
cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattgttgca tttgatgatc600
ccgtggggtt tggggaagtt tta 623

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 781 Basenpaare

45 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```

gcgggtatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgagc 120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgtctca tggggatgaa gaaccagctc 180
15 gcggtcttgc gagtggtctg ttccctgcag aagagcacag aagtgtgaa ggccatgcaa 240
agtcttgtga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgatg 300
aaggctggga tcatagagga gatgttagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa 360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg 420
gccttgggca aagcaccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccagga 480
20 gcgatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc 540
cggctggcca cactccgcag ctaggggctg cctacccgcg tgggtgtgca cacactcctc 600
tcaagagctg ccattttatg tgtctcttgc actacacctc tgttgtgagg actaccattt 660
tggaagaagg tctgtttgtc tcttttcatt ctctgccag gttttgggat cgcaaaggga 720
25 ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcattttt aggaaaaaaa aaaaaaaaaa 780
a 781

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

```

gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgctctttga ggccgacgt agggggcccg 60
aagggaact gccaggcgaa ggtgaccggg gaccgagcat ttcagatctg ctcggtagac 120
ctgggtgcacc accaccatgt tggctgcaaa gctggtgtgt ctccggacac taccttctag 180
gcttttcac ccagctttca ccaaggcctt ccctgttgtg aagaattcca tcacgaagaa 240

```

```

tcaatggctg ttaacaccta gcagggaata tgccacaaaa acaagaattg ggatccggcg 300
tgggagaact ggccaagaac tcaaagaggg agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
taaaattgat cagatgggaa gatggtttgt tgctggaggg gctgctgttg gtcttgagc 420
attgtgctac tatggcttgg gactgtctaa tgagattgga gctattgaaa aggctgtaat 480
5 ttggcctcag tatgtcaagg atagaattca ttccacctat atgtacttag cagggagtat 540
tgggtttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgtttctca tgaacttcat 600
gatgagaggg tcttgggtga caattgggtg gacctttgca gccatgggtg gagctggaat 660
gctggtagca tcaataccat atgaccagag cccaggccca aagcatcttg cttgggttgct 720
acattctggt gtgatgggtg cagtgggtgg tcctctgaca atattagggg gtccctcttct 780
10 catcagagct gcatggtaca cagctggcat tgtgggaggg ctctccactg tggccatgtg 840
tgcgcccagt gaaaagtttc tgaacatggg tgcacccctg ggagtgggccc tgggtctcgt 900
ctttgtgtcc tcattgggat ctatgtttct tccacctacc accgtggctg gtgccactct 960
ttactcagtg gcaatgtacg gtggattagt tcttttcagc atgttccttc tgtatgatac1020
ccagaaagta atcaagcgtg cagaagtatc accaatgtat ggagttaaaa aatatgatcc1080
15 cattaactcg atgctgagta tctacatgga tacattaaat atatttatgc gagttgcaac1140
tatgctggca actggaggca acagaaagaa atgaagtga ctagcttctg gcttctctgc1200
tacatcaaat atcttgttta atggggcaga tatgcattaa atagtttgta caagcagctt1260
tcggtgaagt ttagaagata agaaacatgt catcatattt aaatgttccg gtaatgtgat1320
gcctcaggtc tgcctttttt tctggagaat aaatgcagta atcctctccc aaataagcac1380
20 acacattttc aattctcatg tttgagtgt tttaaaatgt tttgggtgaat gtgaaaacta1440
aagtttgtgt catgagaatg taagtctttt ttctacttta aaatttagta ggttcactga1500
gtaactaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atattttttt ggagtgcaga atattgtaat1560
taatgtcata agtgatttgg agctttggta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag1620
tcttttgttt ttttaaatac ttaggaactt agcacctggg gttatttgga ttaggtgagg1680
25 gagcccggta ggaacagccg ggtattgggg aaca 1714

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```

50 cccccccagc ccctgctctg aggcaccgag aaacgaggag gccggtggcg agtctccacg 60
tgggtaccgg cgctctcggc gcccgtagcc acccgcccgc cggaagccga catctcgagt120
tctggcagaa gcaattttgc cggcgaggag cggacgggca ggaacccaat aagctgcttc180
gcctcggagc tgaagcccgt actcaagatg gcggtcccg gcgggcgtgg ccagtgacta240
55 gaaggcgagg cgccgcggga ccatggcggc ggccggcgga gagcgagtc cagaggacgg300
agaagacgag gaagaggagg agcagttggt tctggtggaa ttatcaggaa ttattgattc360

```

```

agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caagggtttg ggcattgaca ctgagaggcc420
cattctgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480
tggtatattt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgtc540
5   aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600
    gaaggaagga gaagaaaaca taggtggggt ggaatggctg caaataaagg ataatgattt660
    ctccatcga cccaacatga tttgtaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgg720
    agcttcagcc ccagataaat ctttgggaatt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780
    gttcaaaccg gggtttggtg aaccggggga acccattgcg ccttggaat t      831

```

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 744 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

```

35 tgaagttcta agagctttcc aagtttgga aggtgtccgg gttttctgcg attacttctc 60
    tgagcatgaa cggaagtcac ctttgtgcc ttatgcggtg attttaatga taggtgtcat120
    atataggacg gagtaatctg tttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180
    ctaggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagaggtc ttacagcaac ccaacgtctc240
    atcttcccat agtaaagatg acggcgccctt gaggttaagct acaggcaaca ccacttccgc300
    gtttctcttg cgccctggtc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctgag360
40 atcccgggtg tgaagactaa cgccggaccc cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420
    aaggaggaat atcagtcctt tatccggtat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480
    tggttccgac tggagtccaa caaggaagga actcgggtgt ttggaaaatg ctggtatatc540
    catgacctcc tgaaatatga gtttgacatc gagtttgaca ttcctatcac atatcctact600
    actgcccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggtag660
45 gactgaatag gagatggcaa agagtcaaag aaagccttaa ggaagaactt cgtggcggga720
    gggagagcat caggaagagt agct      744

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

tgcgacccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgtc ggcgcgccgc ggaggcgctg 60
ggccggcgcc ctcttcgagc gggcgcccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
20 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagagggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtagct ttggtggggac 360
ttggaacacg tggtagggcg agcaggacca agctgtccac ctctggagggt atgaaggagg 420
25 ctatccagcc ctcacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaat ttttggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaatata tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt ctctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
30 gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatccac tgaagacctc gcccctccag taaagctgta gagtttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgtcgtaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
35 gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc1020
tttaaaatth acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagtg1080
ccttgctgct ctctttgaaa cccccgtgt tgtccagtat accttataac acttagccac1140
ttctccccac cctccagaag gggctccagt tgaattctga atcatcttga aaataagatt1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aacaaaaaaa caaatctgtt1260
40 ttataatcac agatttttag acaattttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat1320
gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaal380
taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgaagcagt ccacatagta gacaatgggt1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcataatg tgaatttgaa1560
45 atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta1620
gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
ctaattttt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa1860
50 ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920
caaaccttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa
2017

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 856 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

20 cgcagtgcgc aggcgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcggcggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctcccttg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240
25 agtaccacgc tgggtctaattg caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300
taaacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttgttcc cgtataaagg360
atatactctg aactatggtg ccatccctca gacttgggaa gaccacagggc acaatgataa420
acatactggc tgttgtggtg acaatgaccc aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaagg480
atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggc atattggcta tgattgacga540
30 aggggaaacc gactggaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600
taatgatatc aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagcta ctgtggactg660
gtttagaagg tataagggtc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgctg ttaatgcaga720
atttaaagat aaggactttg ccattgatat tattaaaagc actcatgacc attggaaaagc780
attagtgact aagaaaacga atgggaaaag gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840
35 gccctcaaa gtgtgc 856

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 540 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

gcatagacaa agggcctcag aatcgcgcag gcgcaattgt gccctggttc gccaaagatgt 60
cgttcccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcactctgcc tgagaccctc gaccagccg120
10 aatacaacat atctccgga acccggcggg cgcaagcgag cggttgcca taagagccca180
gctgaaacga gactacctgc ttcagtacaa cgatcccaac cgccgagggc tcatcgaaaa240
tcctgccttg cttcgttggg cctatgcaag aacaataaat gtctatccta atttcagacc300
cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggccctca tcttcattta360
ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga420
15 tcgaacattt cacctctcat attaatgtctg gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa480
ataaatcatc tattaatcat taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagtcg540

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
ttacagcctt tcgattatga tccaatgag aaaagtaa acaggttatg gttcagtcta 120
tggttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
45 accttatgga ttcaaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcac aaagacagaa acaccaatag 300
tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360
gtaagaggct gcaagggtgaa gttagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420
aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag cccattttca gcattagccc 480
50 caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccg ggctcttggc tctggtggtt ttgttcttta 540
tcgttggtgt aattattggg aagattgcct ttagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600
tggattggtg gatccaccat atcatgggat ttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaga 660
aattaatgta tgatgacatc tcacaggctt tgcctttaa ttaccctcc ctgcacacac 720
atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagtt aaaaatgtat 780

```

5  agtaactgat  tgaggggggaa  aagaatgatc  tttattaatg  acaaggggaaa  ccatgagtaa  840
   tgccacaatg  gcatattgta  aatgtcattt  taaacattgg  taggccttgg  tacatgatgc  900
   tggattacct  ctcttaaaat  gacacccttc  ctgcctgtt  ggtgctggcc  cttggggagc  960
   tggagcccag  catgctgggg  agtgcggtca  gctccacaca  gtagtcccc  cgtggcccac  1020
10  tcccggcccc  ggctgctttc  cgtgtcttca  gttctgtcca  agccatcagc  tccttgggac  1080
   tgatgaacag  agtcagaagc  ccaaaggaat  tgcactgtgg  cagcatcaga  cgtactcgtc  1140
   ataagtgaga  ggcgtgtgtt  gactgattga  cccagcgctt  tggaaataaa  tggcagtgtc  1200
   ttgttcactt  aaagggacca  agctaaattt  gtattggttc  atgtagtgaa  gtcaaaactgt  1260
   tattcagaga  tgtttaatgc  atatttaact  tatttaatgt  atttcacctc  atgttttctt  1320
15  attgtcacia  gagtacagtt  aatgctgcgt  gctgctgaac  tctgttgggt  gaactgggat  1380
   tgctgctgga  gggctgtggg  ctctctgttc  tctggagagt  ctggtcatgt  ggaggtgggg  1440
   tttattggga  tgctggagaa  gagctgccag  gaagtgtttt  ttctgggtca  gtaaataaca  1500
   actgtcatag  ggagggaaat  tctcagtagt  gacagtcaac  tctaggttac  cttttttaat  1560
   gaagagtagt  cagtcttcta  gattgttctt  ataccacctc  tcaaccatta  ctcacacttc  1620
20  cagcggccag  gtccaagtct  gagectgacc  tccccttggg  gacctagcct  ggagtcaggal  1680
   caaatggatc  gggctgcaga  gggttagaag  cgagggcacc  agcagttgtg  ggtggggagc  1740
   aagggagag  agaaactctt  cagcgaatcc  ttctagtact  agttgagagt  ttgactgtgal  1800
   attaatttta  tgccataaaa  gaccaacca  gttctgtttg  actatgtagc  atcttgaaaa  1860
   gaaaaattat  aataaagccc  caaaattaag  aaaaaaaaaa  aaaaaatact  gc  1912

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

```

45  tttttttttt  ttttatcgag  caagaatctg  ttaacagttt  tatttttttt  tatgttaaat  60
   accatgggac  aggattgtaa  ggatgaaaaa  ctcagtcaac  aactgcctca  caagggataa  120
   gaaaaattct  gccatgatat  tagcaaagg  aaaggaggaa  aaatttacac  tgtaagaggc  180
   accatttccc  caaggaatac  ctcttggcat  ttcttgaatg  agtgggatta  gcaatctaaa  240
50  taaatcatat  ttcaagagg  aacagcaaca  gataaaattt  aaagggatta  ttaaaataac  300
   atttacaaga  ctctgaacaa  ttcttgaact  cttattaaaa  ccacaaagaa  agaacaattc  360
   tttatttatg  aatttcataa  aggactcaat  gtgcaactga  catctgctag  tgatgatctg  420
   gtaatatata  acctgtccag  tagccgaaca  gtttgttttt  attgtgtttt  ctaaccgtaa  480
   gagatcatta  aaggcaaagc  ctatatgacg  ctgtacacac  aaaaaaatgg  tcaccgtggg  540
55  ccatactacc  aatgaaatgg  taggtaaaca  aatctttttt  tgggtcaagag  aaaaaaaaaa  600
   aaaagaaaca  gcactctgca  tgcttcaact  tacaagatga  atttccctag  aaagaatcca  660

```



```

atgaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactggtgac attatctctg 720
aaggatgcag ttgagggtga tccagggttta tccgaatgtg ctacctttct gagccttaaa 780
ccttcacetc tcagggtgccg attttcttct gatagcttca tcatttctcc ctgaagtctt 840
ttacactctt ccattagttt ccttgtttcg gtatcattaa gtgaaacact gtgtggtttt 900
5  ggcataggtc catcttgctt agatgcattc agtggaaacag ctttgctagg ttccatatca 960
ttcaatttat cattttcatt gggcatttca aatacgcac tcaatttggg atccattaat1020
tcacaggtt ttgctctttt ccacacagct tccatatctg aagtgtttgg tggagcaaaa1080
attgtctgta ccataaactt gtgtttactc ttttcattcg gatcatagtc aaagggctgt1140
agcattactg aaacagtcac agttgaccct gggcacaataa ttccactgtt gggcctcaca1200
10  cagtaccggc gaggtgctgt agtcttcaact ttgaaacaca cttttctatc cgatggattt1260
cgcaatttaa gattttagtg gactacatct gtgaaggggc ctttgaattt gaggtctgtg1320
ggcggatcga ggaccaggat ctgctcgtct tcgccatggc ccttgaggcg gacgccatcg1380
gagagacagc gcagagcagg gggcggttg ctgctgggg gcgggggacg atggcgagag1440
gggaggggga gcgagttcgc atctctcctt ttcttggtta gactctgttc aaccacattc1500
15  ttatgttggc agatctgctt ccagattgat ttttagagca ccatcacttt cacattcctg1560
attctgattt tgttttgttt tgtttgggtt ttctgaaact taaaatgctg ccccgaaaat1620
actatatttt tgagtttgtg ttctgaaagc ctccgtgctg ctggatcttt ggggggaaat1680
acaggatcct tcagcactga ggtgtttaag atttgcaact agcaatgcaa ttttttctaa1740
20  atatggggat atttaccttt attaagaaat tatactaaac attgatgtcc ttgatcattt1800
tatgttctca tattactttt gattctacta tgattgtgtg gtggtgaaca aagatcatta1860
caaacaaaaa ctgtaatttt gttatatttg attcaatgga atttacctaa aaaataaaga1920
ctaaaaatgt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1962

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1458 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 30 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```

cggctcgagc ggctcgagat tccagggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
50  tggacgtgga atgggcccag gagatggatt tgattctcgt ggcaaacgtg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtagcggatc 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaataca ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagtg acttggtatc atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
55  agaggagggt ccaaaagaga tgacttttga tgagtggaa gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggaaaga 480

```

5 gggatttgtt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttggaga 600
ccttggccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgtctct gtcctgatg tggatgaccc 720
agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
acccttctgt tcaaagcttt tgcattgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaa 900
gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
attggtagca gggatgtttt cataattttt agagattatg cattcttcat gaatactttt 1020
10 gtattgctgc ttgcaaataat gcattttcaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac 1080
cagtttaaag ctttcacttc atttgtgttt ttttaattaag gatttagaag tcccccaat 1140
tacaactgg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac 1200
atggtcaact gggacatgtt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tgggaatact 1260
actatatgta ttttaactta gttttaatat tttcattttt ggggaaaaat cttttttcac 1320
15 ttctcatgat agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt 1380
gaacaaattc aaaagcacat ttggtttatt aaccctggtg tgccctggca tggggcccat 1440
ttgggggtcca aattataa 1458

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2188 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

45 gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cctgcaacc 300
ccaaccctcc cccacccccc cccctacaag tcacctggtt aagccaacct gaattctact 360
cacctgggag tggaagtatg tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatgggtg 420
50 gttatggagg ttttgatgac tatggtggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
ttgatgacag aatgagagat ggaagaggta tgggaggaca tggctatggt ggagctgggtg 540
atgcaagttc aggttttcat ggtggtcatt tcgtacatat gagagggttg ctttttcgtg 600
caactgaaaa tgacattgct aatttcttct caccactaaa tccaatacga gttcatattg 660
atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagtttgtg acacatgaag 720
55 atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactct 780
tcttgaattc tactcctgga ggcggctctg gcatgggagg ttctggaatg ggaggctacg 840

```

5   gaagagatgg aatggataat cagggaggct atggatcagt tggagaagt ggaatgggga 900
    acaattacag tggaggatat ggtactcctg atgggttggg tgggttatggc cgtggtggtg 960
    gaggcagtgg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtgg aggtggatgg cgtgggatgt1020
    actgaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctggtct actagacttt1080
10  cttacagatt taatttcttt tgtattttta gaactttata atgactgaag gaatgtgttt1140
    tcaaaatatt attttggtaaa gcaacagatt gtgatgggaa aatgttttct gtaggtttat1200
    ttgttgcata ctttgactta aaaataaatt tttatattca aaccactgat gttgatactt1260
    tttatatact agttactcct aaagatgtgc tgccttcata agatttgggt tgatgtattt1320
    tactattagt tctacaagaa gtagtgtggg gtaatttttag aggataatgg ttcacctctg1380
10  cgtaaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagagct tgacaaataa ttagtgaac1440
    ttttttcttt agttcctcct ggacaacact gtaaatataa agcctaaga tgaagtggct1500
    tcaggagtat aaattcagct aattatttct atattattat ttttcaaag tcatttatca1560
    ggcatagctc tgaacattg atgatctaag aggtattgat ttctgaatat tcataattgt1620
    gttacctggg tatgagagtg ttggaagctg aattctagcc ctagattttg gagtaaaacc1680
15  ccttcagcac ttgaccgaaa taccaaaaat gtctccaaaa aattgatagt tgcaggttat1740
    cgcaagatgt cttagagtag ggttaagggt ctcagtgaca caagaattca gtattaagta1800
    cataggtatt tactatggag tataattctc acaattgtat tttcagtttt ctgcccata1860
    gagtttaaat aactgtataa atgatgactt taaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca1920
    tagtcaataa aaacaatcct gcagttgggt tttgtatctg atccctgctt ggagttttag1980
20  tttaaagaat ctatatgtag caaggaaaag gtgcttttta attttaatcc ctttgatcaa2040
    tatggctttt ttccaaattg gctaattgat caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt2100
    tattgaactt gttacttgtt tttgccagaa atgttattaa taaatgtcaa tgtgggagat2160
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2188

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

(A) LÄNGE: 1548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

50

55

```

    ctgcctagtt cgatcggtag cgggagcgga gagcggaccc cagagagccc tgagcagccc 60
    caccgcgcgc gccggcctag ttaccatcac acccgggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
    ggccccagtc accatcaccg caaccatgag cagcgaggcc gagaccagc agccgcccgc 180
    ggcccccccc gcggcccccg ccctcagcgc cgccgacacc aagcccgga ctacgggcag 240
    cggcgcaggg agcgggtggc cgggcggcct cacatcggcg gcgcctgcc gcggggacaa 300
    gaaggtcatc gcaacgaag ttttggaac agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
    tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgccataaa 420

```

```

5  gaagaataac cccaggaagt accttcgcag tgtaggagat ggagagactg tggagtttga 480
   tgttggtgaa ggagaaaagg gtgcggaggc agcaaagtgt acaggtcctg gtggtgttcc 540
   agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
   gggtcctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
   gggatcggag agtgctcccg aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcaggcgaag 720
   gttcccacct tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
   tgtgcaggga gaagtgatgg aggggtgctga caaccagggt gcaggagaac aaggtagacc 840
   agtgaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcaggggcc ctctcgcga 900
   aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagacca 960
10 aggtcagcag ccacctcaac gtcggtaccg ccgcaacttc aattaccgac gcagacgccc1020
   agaaaaccct aaaccacaag atggcaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa1080
   ttcgtccgct cccgaggctg agcaggggcg ggctgagtaa atgccggctt accatctcta1140
   ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatga1200
   acaaaagatt ggagctgaag acctaaagtg cttgtctttt gcccgttgac cagataaata1260
15 gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttaccta aagacgtctc1320
   tttttggtaa taacaaacgt gtttttttaa aaagcctggg ttttctcaat acgcctttaa1380
   aggtttttta attgtttcat atctggtcaa gttgagattt ttaagaactt catttttaata1440
   ttgtaataaa agttttacaac ttgatttttt caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt1500
   taataaaggt cttaaataat tgtctttgtg taaaaaaaaaa gggaatat 1548

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

- (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```

45  ggaccgcttc ccccgagcca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgcccctgc 60
   tgccgggggt ggtgattgga ggaaaccccg tgtctgacgg agggctgtag cctgtgagca 120
   gcgagatcca gggacagagt ctgagcctcg ccgctgctgc cgccgcccgc gccagagac 180
   tgctgagccc gtccgtccgc cgccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcattga 240
   taaaaatgag ctggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcgat atgatgacat 300
50  ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360
   tcttctctca gttgcttata aaaatgttgt aggagcccgt aggtcatctt ggagggtcgt 420
   ctcaagtatt gaacaaaaga cggaaggtgc tgagaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
   cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctcttttga 540
   aaagtctctt atccccaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600
55  aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttgccgctgg tgatgacaag aaagggattg 660
   tcgatcagtc acaacaagca taccaagaag cttttgaaat cagcaaaaag gaaatgcaac 720

```

caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780
 tgaactcccg cagagaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840
 gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900
 agagacaact tgacattgtg gacatcggat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960
 5 ggaggggaaa attaacccgc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa ttacacagt1020
 agaccatttg tcatccatgc tgtcccacaa atagtttttt gtttacgatt tatgacaggt1080
 ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatgtt tagttttggg1140
 ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag tttgtctgtt tttcgtcttt gaggggtgggc1200
 ccagtatggg ggggtgttgg gattttttgt taccagtttt tgaggtgttt ttgg 1254
 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 954 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

35

cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttcttttttt ttttttgtga gagcaggggc 60
 actttatttg tatagagact gcagagggac caggggcttt agctgttggc agctatgggt120
 tccttaatcc agtccacata gttgtagacc ttggtgtaga ctccaggcct gttcttcttg180
 gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacagggcca240
 40 ccagaatcac cctggcagga atccttgcct ccctcgagga agcccacaca gaacatgttg300
 ttggtaatct ttccagggtg ggaggttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc360
 aggcactgca gctcgtctgg gtagtcggca ccagaactca gagtgttgcc ccagccggag420
 atgagggact cggtgccagc agctggaggg gcagtgggca gagagatggc ggacacgcgg480
 gaattgatga cggcaggtga ggagagcttg atcagcagga tgtcattgtc cagagtccgg540
 45 ctgttgatatt tgggggtggc gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attccccctcc600
 aggacttcga tgttggtgctc tcccagtcct acctggatgc gggacttgta gcagtgaacct660
 gctgacacca cccactgttc gctgatgagg gagccaccgc agaagtggta gccagaattc720
 aaggacacct ggtaggggac agaattctcc tcacagatgt agccccaac gatcttgta780
 tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc840
 50 atggtggtag agtgtgcctg attgctggtg gagaaccctt ctttatacct cccgaggatg900
 gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggc actgctcctc ccagcacaaa caca 954

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2213 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

```
ggcggaccgc cccgggggtcg aggcctgcct ctccgagagc tccctggcgcg gccgtcccgg 60
cccggggccc caggtgcgct tcccctagag agggattttc cggctctcgtg gccagaggaa 120
caaccaggaa cttggggctc agtctccacc ccacagtggg gcggatccgt cccggataag 180
25 acccgctgtc tggccctgag tagggtgtga cctccgcagc cgcagaggag gagcgcagcc 240
ggcctcgaag aacttctgct tgggtggctg aactctgac ttgacctaga gtcattggcca 300
tggcaaccaa aggaggtact gtcaaagctg ctccaggatt caatgccatg gaagatgccc 360
agaccctgag gaaggccatg aaagggtcgc gcaccgatga agacgccatt attagcgtcc 420
ttgcctaccg caacaccgcc cagcgcagg agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480
30 gcagggaatt gatagacgac ctgaagtcag aactgagtgg caacttcgag caggtgattg 540
tggggatgat gacgcccacg gtgctgtatg acgtgcaaga gctgcgaagg gccatgaagg 600
gagccggcac tgatgagggc tgcctaattg agatcctggc ctcccggacc cctgaggaga 660
tccggcgcac aagccaaacc taccagcagc aatatggacg gagccttgaa gatgacattc 720
gctctgacac atcgttcatg ttccagcgag tgctgggtgc tctgtcagct ggtgggaggg 780
35 atgaaggaaa ttatctggac gatgctctcg tgagacagga tgcccaggac ctgtatgagg 840
ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaaatttct aactgttctc tgttcccga 900
accgaaatca cctgttgcat acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa1020
aacagagtat taaatctgaa acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa1020
agtgcattgag gaacaaatct gcatattttg ctgaaaagct ctataaatcg atgaagggt1080
40 tgggcaccga tgataacacc ctcatcagag tgatggtttc tcgagcagaa attgacatgt1140
tggtatcccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcacaaagg1200
gtgacacatc tggagactac aggaaggtac tgcttgttct ctgtggagga gatgattaaa1260
ataaaaaatcc cagaaggaca ggaggattct caacactttg aattttttta acttcatttt1320
tctacactgc tattatcatt atctcagaat gcttattttc aattaaaacg cctacagctg1380
45 cctcctagaa tatagactgt ctgtattatt attcacctat aattagtcct tatgatgctt1440
taaagctgta cttgcatttc aaagcttata agatataaat ggagatttta aagtagaaat1500
aaatatgtat tccatgtttt taaaagatta ctttctactt tgtgtttcac agacattgaa1560
tatattaaat tattccatat tttcttttca gtgaaaaatt ttttaaatgg aagactgttc1620
taaaatcact tttttcccta atccaatttt tagagtggct agtagtttct tcatgtgaaa1680
50 ttgtaagcat ccggtcagta agaatgccca tccagttttc tatatttcat agtcaaagcc1740
ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccttac1800
taagtttttc atgggagact tcttctcatc catcttatgt tgaaatcact ttctgtagtc1860
aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtatggttat acaaaccata1920
tacatctggt taccaaacat aaatgctgaa cattccatat tattatagtt aatgtcttaa1980
55 tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaaaa aagcttcaaa ctaggatttc tgggaatgat2040
gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tgtgctaaaa atacttttta2100
aaatcaattt tggtgattgt agtaatttct atttgactg tgcctttcaa ctccagaaac2160
attctgaaga tgtacttgga ttttaattaaa aagttcactt tgtaaaaaaa aaa 2213
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

```
cctcgtgcag gtgcaccgct tggctcctaaa agctctggag gatggccggg catatgggtc 60
tccatggtgc aacaaacaga tcacaagggtg cctaattgaa tgtcgagatg aatataaata 120
taatgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcatttg gttaatatgc agcagtatga 180
tcttcaccta gcgcagtc aa tggagaatgg cttaaactac atggctgtgg catttgctat 240
gcagttagta aaaatcctgc tgggtggatga aaggagtgtt gctcatgtta ctgaggcaga 300
tctgttccac accattgaaa ccctcatgag gattaatgct cattccagag gcaatgctcc 360
agaaggattg cccagctga tggaaagtgt gcgatccaac tatgaagcaa tgattgatcg 420
tgctcatgga ggcccaaact ttatgatgca ttctgggac tctcaagcct cagagtatga 480
tgaccctcca ggctgaggg agaaggcaga gtatcttctg agggaatggg tgaatctcta 540
ccattcagca gcagctggcc gcgacagtac caaagctttc tctgcatttg ttggacagat 600
gcaccagcaa ggaatactga agaccgatga tctcataaca aggttctttc gtctgtgtac 660
tgaaatgtgt gttgaaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atcctgctgc 720
caatcccacc atgatccgag ccaagtgtca tcacaacctg gatgcctttg ttcgactcat 780
tgactgctc gtgaaacact caggggaggg caccaacact gtcacaaaga ttaatctgct 840
gaacaaggtc cttggtatag tagtgggagt tctccttcag gatcatgatg ttcgtcagag 900
tgaatttcag caacttccct accatcgaat ttttatcatg cttctcttgg aactcaatgc 960
acctgagcat gtgttgga aa ccattaattt ccagacactt acagctttct gcaatacatt1020
ccacatcttg aggcctacca aagctcctgg ctttgtatat gcctggcttg aactgatttc1080
ccatcggaata ttattgcaa gaatgctggc acatacgcca cagcagaagg ggtggcctat1140
gtatgcacag ctactgattg atttattcaa atatttagcg cctttcctta gaaatgtggal200
actcaccaaa cctatgcaaa tcctctacaa gggcacttta agagtgtgc tggttctttt1260
gcatgatttc ccagagtcc tttgtgatta ccattatggg ttctgtgatg tgatcccacc1320
taattgtatc cagttaagaa atttgatcct gatgccttt ccaagaaaca tgagggtccc1380
cgacccattc actcctaate taaagggtga catgttgagt gaaattaaca ttgctccccg1440
gattctcacc aatttctact gagtaatgcc acctcagttc aaaaaggatt tggattccta1500
tcttaaaact cgatcaccag tcactttcct gtctgatctg cgcagaacct acaggtatcc1560
aatgaacctg ggaatcgcta caacctccag ctcataatg cactggtgct ctatgtcggg1620
actcaggcca ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgag caccatcact1680
cactcagcac acatggatat cttccagaat ttggctgtgg acttgacac tgagggtcgc1740
tatctctttt tgaatgcaat tgcaaatcag ctccggtacc caaatagcca cactcactac1800
```

ttcagttgca ccatgctgta ccttttttgcaggagccaata cggaagccat ccaagaacag1860
atcacaagag ttctcttgga acggttgatt gtaaataggc cacatccttg gggctctctt1920
attaccttca ttgagctgat taaaaaccca gcgtttaagt tctggaacca tgaatttgta1980
cactgtgccc cagaaatcga aaagttattc cagtcggtcg cacagtgtcg catgggacag2040
5 aagcaggccc agcaagtaat ggaagggaca ggtgccagtt agacgaaact gcattctctgt2100
tgtacgtgtc agtctagagg tctcactgca ccgagttcat aaactgactg aagaatcctt2160
tcagctcttc ctgactttcc cagccctttg gtttggtgggt atctgcccc actactgttg2220
ggatcagcct cctgtcttat gtgggcacgt tccaaagttt aaatgcattt ttttgactct2280
tggccaaaat ttagaagatg ctgtgaatat cattttgaac ttgtgtaaat acatgaaaga2340
10 ggaaaacctt tgtctggaac ttcttggtt tgtgcaagct gtgtccaagg caagtacata2400
aactgggtacc ttgtaatgaa gaggcagctg atgccatgca cttgtctgag ggcatagctc2460
catgtcttct gacattcctg gtgtcccaaa gaatagcaaa aagccagttt gaattattatg2520
taacttattt ttttaatgtg gacaggggac cttgaaaatc actaagttat taaaaatgtg2580
gatgtgctag aattggatat gtccaggaac atgggaaggg ctactattg gaatcccatg2640
15 agtttccatt ttgtctctac ccaaagctat tccaaagctg actgcatttg taccatctta2700
tttcttttgg ggattataca cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctct ttatataaag2760
ggaaaccaga ccaggcctaa agcccacccc ctaccctcac cccccccaca atcctctcct2820
gaaactttaa aaaccagtgg ggatttttagg gaaagggaaac ccaaaccgcg attaatg 2878

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

- (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

45 atgatatttt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaacttta aaaagtaatg ggatcttttg 60
acactggggg atgttttatt tttatgtgtg caaattttaa ccatattctt ttctagttaa120
agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaagaca ggtgagactt180
cgagagccct gtcattctct aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
50 ttgggaaaat gaggtacgtt agtgttcgag attttaaagg caaagtgtta attgatatta300
gagaatattg gatggatcct ctgaaggaac agattttctga cattgatgat gcagtaagaa420
atccagaaca atggagccag ataaataaaa cctgtactgt tctagtgtgt ttaatctgtc480
aactgtaaaa ttcgagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagtgtgt ttaatctgtc480
tttttacatt ggcttttgtt ttctaaatgt tctccaagct attgtatgtt tggattgcag540
aagaatttgt aagatgaata ctttttttta atgtgcatta ttaaaaatat tgagtgaagc600
55 taattgtcaa ctttattaag gattactttg tctgccacc acctagtgtta aaataaaatc660
aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c 701

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

25

```
gttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60
atcaggaaat gctggaggca gcctcgtag ctgtgtgatc agggagggga cagcaggcgg120
gaaccctgtc tcaatcatgt ctgggcagtc tcccaaccaa caggtttggt tggttcagga180
gaggcttttg ctgggctgtg tgtgtgtatg atcaggaagg tcagcctcaa caaatgggct240
tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccaccttaaa300
atggaaatca aattagggtc attacatcag gaagtacatt tcaccctgat cataaaagag360
ggacaaggga gcactgggct ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa420
gttaaacatt ggcagggcct ttcccctagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480
gcttgtaaag cttttgttat ctttggtatc tgttattatt tggattttga acgaaattga540
35 tggagtacga gccggtagag gaatcctggt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600
aaggctggag aaccaagtgc ccaagatcct ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660
tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta720
ttgatgaagg ttcccgcctg ctgtcccttc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780
gcatttcctg atttcctctg tggtataaaa agctttc 817
```

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2686 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

gcaaggccta ctgtcggctg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
ggcgaagag gttcggcggc t gatggcga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
cttgatccgg gaggctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtccattgc 180
15 agacttccaa ctttgcccat gtcattcttc aaaatgtggc caagagttac cttcctaattg 240
cacacctgga atgtcattac accttaactc catatattca tccacatcca aaagattggg 300
ttggtatatt caaggttggg tggagtactg ctctgtgatta ttacacgttt ttatggtccc 360
ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420
attaccttcc aaatgatgat ggagaatttt atcagttctg ttacgttacc cataagggtg 480
20 aaattcgtgg agcaagtaca cctttccagt ttcgagcttc ttctccagtt gaagagctgc 540
ttactatgga agatgaagga aattctgaca tgttagtggt gaccacaaaa gcaggccttc 600
ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaag aaaaagaaga actgttaaag ttaattgccg 660
ttctggaaaa agaaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatggaa agagaactta 720
accatgagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaagggtctt actgaagtaa 780
25 cacaaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttcagtgat gctacatcca 840
aagcccatca gcttgaggaa gatattgtgt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900
ccgaattaga cagtttaaa gacaaactca agaaggcaca acatgaaaga gaacaacttg 960
aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtagat ttgaagaata1020
cagaaataga aaataccaag cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaat ttagatggga1080
30 acaaagaaa gctgattact ctttcaaag aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg1140
ctgaaaagga aaatctgcaa agaactttcc tgcttacaac ctcaagtaaa gaagatactt1200
gttttttaaa ggagcaactt cgtaaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag1260
ttgtctttct ggctaaagaa ctcagtgatg ctgtcaactg acgagacaga acgatggcag1320
acctgcatac tgcacgcttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtg1380
35 cagaacttaa actaaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgataca ctggaacacg1440
aactaagaag agaagttgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata1500
aagaaaaatt taaggaatgc caaaggctcc aaaaacaaat aaacaaactt tcagatcaat1560
cagctaataa taataatgtc ttcacaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgatg1620
cttcagtaaa cacagaccca gccacttctg cctctactgt agatgtaaa gcatcacctt1680
40 ctgcagcaga ggcagatttt gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgaccaaaag1740
aaattgtctga caaaacagaa aagtataata aatgtaaaca actcttgca gtagagaaag1800
caaaatgcaa taaatagct gatgaacttg caaaaatgga gctgaaatgg aaagaacaag1860
tgaaaattgc tgaaaatgta aaacttgaac tagctgaagt acaggacaat tataaagaac1920
45 ttaaaaggag tctagaaaat ccagcagaaa ggaaaatgga agatggagca gatgggtgctt1980
tttaccaga tgaaatacaa aggccacctg tcagagtccc ctcttgggga ctggaagaca2040
atgttgtctg cagccagcct gctcgaact ttagtcggcc tgatggctta gaggactctg2100
aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tcctccaagt caacattttac2160
gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc2220
tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatg atcagagcaa atttgaagaa catgttgaaa2280
50 gtcactggaa ggtgtgccc gatgtgcagc agcagttccc tctgactat gaccagcagg2340
tgtttgaaag gcatgtgcag acccattttg atcagaatgt tctaaatttt gactagttac2400
tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaaa aaaaaaaacc acacctaaaa2460
tagaccactg aggagaccat agagcggatg ctttcatgca ccctttactg cactttctga2520
ccaggagcta ctttgagttt ggtgttacta ggatcagggt cagtctttgg cttatcaata2580
55 aatttttaatc tctgttaatc ttacaaaaat ttaaaaaaaa aaaaaaaat cgtactttat2640
ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat 2686

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 922 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

```
ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcacccgcc tccttgctcg cggcagccgc 60
ctccgccgcg cgctctctcc gccgcgcgcg actccggcag ctttatcgcc agagtccctg120
aactctcgct ttctttttta tcccctgcat cggatcaccg gcgtgcccc aatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggagt240
tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
tggggagcag gaggctgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360
aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420
aagatgatga ggatgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgaccta ttcaccctcc540
acttcccgtc tcagaatcta aacgtggtca ccttcgagta gagaggcccc cccgcccacc600
gtgggacagt ccacccgcag atgacacgcg ctctccacca cccaaccaa accatgagaa660
tttgcaacag gggaggga aaaggacaaa acttccaagg ccctgctttt tttcttaaaa720
gtactttaaa aaggaaattt gtttgtatgt tctatttaca tttgatagtg ttgtacatat780
tgtaggggt caaccatttt taatgatctc ggatgaccaa accagccttc ggaagcgttc840
tctggcctac ttctggactt ttacgttggt ggggtgttga ccatgttcaa ttataatccc900
aaaaggggga aaaaaaacct tt                                     922
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

```
10 ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcggtccgg acggcagcgc 60
   gtgccccgag ctctccgcct ccccccgccc gccagccgag gcagctcgag cccagtccgc120
   ggccccagca gcagcgccga gagcagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggaacgcc180
   tacatcgaca acctcatggc ggacgggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag240
15 gactcgccct ccgtctgggc cgccgtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cacgccagct300
   gaggtgggtg tcctggttg caaagaccgg tcaagttttt acgtgaatgg gctgacactt360
   gggggccaga aatgttcggt gatccgggac tcaactgtgc aggatgggga atttagcatg420
   gatcttcgta ccaagagcac cggtggggcc ccaccttca atgtcactgt caccaagact480
   gacaagacgc tagtcctgct gatgggcaaa gaaggtgtcc acggtggttt gatcaacaag540
20 aaatgttatg aaatggcctc ccaccttcgg cgttcccgat actgacctcg tctgtccctt600
   ccccttcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc ccatacacac acaaaccatt660
   ttattttttg ggccattacc ccatacccct tattgctgcc aaaaccacat gggctggggg720
   ccagggctgg atggacagac acctccccct acccatatcc ctcccgtgtg tggttggaaa780
   acttttgttt tttggggttt ttttttctg aataaaaaag attctactta aaaaaaaaaa840
25 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaggggggg                                     870
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

```
ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgcg actgcagaac tcagagctgc 60
tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatgaagtg gatggtggtg gtcttggtct 120
gcctccagct cttggaggca gcagtgttca aagtccccct gaagaaattt aagtctatcc 180
```

```

5  gtgagaccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggaccac aagtatgatc 240
   ctgcttgga gtaccgcttt ggtgacctca gcgtgaccta cgagcccatg gcctacatgg 300
   atgctgccta ctttggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggtccttt 360
   ttgacaccgg ctctccaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
   ccagtcactc ccgcttcaac cccagcgagt cgtccacctc ctccaccaat gggcagacct 480
   tctcctgca gtatggcagt ggcagcctca ccggcttctt tggctatgac accctgactg 540
   tccagagcat ccaggtcccc aaccaggagt tcggcttgag tgagaatgag cctggtacca 600
   acttcgtcta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgct ctgtccgtgg 660
   atgaggccac cacagctatg cagggcatgg tgcaggaggg cgcctcacc agccccgtct 720
10  tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggtc ccagcggggg agcgggtgtc tttgggggtg 780
   tggatagcag cctgtacacg gggcagatct actgggcgcc tgtcaccag gaactctact 840
   ggcagattgg cattgaagag ttctcatcg gcggccaggc ctccggctgg tgttctgagg 900
   gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgtcac tgtgccccag cagtacatga 960
   gtgctcttct gcaggccaca ggggcccagg aggatgagta tggacagttt ctctgaact 1020
15  gtaacagcat tcagaatctg cccagcttga ctttcatcat caatggtgtg gaggctccctc 1080
   tgccaccttc ctctatatc ctcatgaaca acggtactg caccgtggga gtcgagccca 1140
   cctacctgtc ctcccagaac ggccagcccc tgtggatcct cgggggatgtc ttctcagggt 1200
   cctactattc cgtctacgac ttgggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga 1260
   cttgctgcct cgacacgtgg gctccccctt tctctttgac cctgcacct cctagggcat 1320
20  tgtatctgtc tttccactct ggattcagcc ttcttttctt ggactctgga ctttctctaa 1380
   taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1418

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

```

50  gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgcctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
   agcagcattt aaattctggg agggcttggg tgtcagcagc agcaggagg gcagagcaca 120
   gcatcgtcgg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180
   aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgcct ttgcctccta ggcatcacct 240
   gtgccatacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga ggaaaagcag ctttacaaca 300
   aatacccaga tgctgtggcc acatggctaa accctgacct atctcagaag cagaatctcc 360
   tagccccaca gaatgctgtg tcctctgaag aaaccaatga ctttaaaca gagacccttc 420
   caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatat ggatgatgaa gatgatgacg 480
55  accatgtgga cagccaggac tccattgact cgaacgactc tgatgatgta gatgacactg 540
   atgattctca ccagtctgat gagtctcacc attctgatga atctgatgaa ctggtcactg 600

```

```

5  attttccac ggacctgcca gcaaccgaag ttttcactcc agttgtcccc acagtagaca 660
   catatgatgg ccgaggtgat agtgtggttt atggactgag gtcaaaatct aagaagtttc 720
   gcagacctga catccagtac cctgatgcta cagacgagga catcacctca cacatggaaa 780
   gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tccccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840
10 ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagtg 900
   ctgaaaccca cagccacaag cagtccagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960
   atgagcattc cgatgtgatt gatagtcagg aactttccaa agtcagccgt gaattccaca1020
   gccatgaatt tcacagccat gaagatatgc tggttgtaga ccccaaaagt aaggagaag1080
15 ataaacacct gaaatttcgt atttctcatg aattagatag tgcattcttc gaggtcaatt1140
   aaaaggagaa aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaaa atgctttata1200
   gcaaaatgaa agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attgggtgaa tgtgtatcta1260
   tttgagtctg gaaataacta atgtgtttga taattagttt agtttgtggc ttcattgaaa1320
   ctccctgtaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgcaa1380
   actatcactg tattttaata ttgtttatc tctcatgaat agaaatttat gtagaagcaa1440
20 acaaaatact tttaacctact taaaaagaga atataacatt ttatgtcact ataacttttt1500
   gttttttaag ttagtgtata tttgtttgtg attatctttt tgtggtgtga ataatctttt1560
   tatcttgaat gtaataagaa tttggtggtg tcaattgctt atttgttttc ccacggttgt1620
   ccagcaatta ataaaacata acctttttta ctgcctaaaa aaaaaaaaga gaaaagaaaa1680
   aaaagaaaag aaaaaaaggg gagggagggg ag
                                           1712

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1273Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

```

45 accgcccccg ctgtgggtct cagcagctcg ggcggcggga ggggtggcag cggcaaggca 60
   gccagtttc gcgaaggctg tcggcgcgcc gcggcccgca ggcaccggc acgcgccttc 120
   ccgcgaggca ccgggcacgc gccttccccg ccgccacgat gcccaagagg aaggtcagct 180
   ccgccaagg gccgccaagg aagagcccaa gaggagatcg gcgcggttgt cagctaaacc 240
   tcccgcaaaa gtggaagcga accgaaaaag gcagcagcga aggataaatc ttcagacaaa 300
50 aaagtgcaaa caaaaggga aaggggagca aagggaacac aggccgaagt ggctaacca 360
   gaaactaaag aagacttacc tgcggaaaac ggggaaacga agactgagga gagtccagcc 420
   tctgatgaag caggagagaa agaagccaag tctgattaat aaccatatac catgtcttat 480
   cagtgggtccc tgtctccctt cttgtacaat ccagagggaat atttttatca actattttgt 540
   aaatgcaagt ttttttagtag ctctagaaac atttttaaga aggagggaat cccacctcat 600
55 cccatttttt aagtgtaaat gctttttttt aagaggtgaa atcatttgct ggttggttat 660
   tttttggtac aaccagaaaa tagtgtggga tattgaatta tgggaggctc tgactgtctc 720

```

```

gggtgtcagc ttaacattcc acagatgggg ggtagtttt tatatcctat aatacaaagc 780
atattaaatg gcaatatgga gtcagtcctg catttaattgt cttgaacatt ttaaattact 840
tctattacca tgttgTTTT tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900
ggctctctct gccagaattg tgtgcaactct gtaacatctt tgtggtagtc ctgttttcct 960
5 aataactttg ttactgtgct gtgaaagatt acagatttga acatgtagtg tacgtgctgt1020
tgagttgtga actggTgggc cgtatgtaac agctgaccaa cgtgaagata ctggtacttg1080
atagcctctt aaggaaaatt tgcttccaaa ttttaagctg gaaagtcact ggaataactt1140
taaaaaagaa ttacaataca tggtttttta gaatttcgtt acgtatgtta agatttTgtgt1200
10 acaattgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctcagttatg aaaataaaaa1260
aaaaaaaaaaa aaa 1273

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

```

cctcggacca ccggaactggc ctggggcggg acgtgggcgc gggggcgcg cgtgcggcac 60
gctgcagggc tgaagcggcg gggcggtgg ggactgcacg tagcccggcg ctcggcatgg 120
ctctcctggg gctcgggtctg gtgagctgta ccttctttct ggcaagtgaat ggtctgtatt 180
40 cctctagtga tgatgtgatc gaattaaact catcaaattt caaccgagaa gttattcaga 240
gtgatagttt gtggcttgta gaattctatg ctccatgggtg tggTcaactgt caaagattaa 300
caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagttg 360
atgcagataa gcatcattcc ctaggagggtc agtatgggtg tcagggtattt cctaccatta 420
agatttttgg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actgggtgaag 480
45 ccattgtaga tgctgcgctg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctcggggggac 540
gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaagt aagaaggatg 600
tgattgagct gacagacgac agctttgata agaattgttct ggacagtga gattgtttgga 660
tggttgagtt ctatgtcctt tgggtgtggac actgcaaaaa cctagagcca gattgggctg 720
cgcgaccttc agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaagt gaaactggca gctgtggatg 780
50 ctacagtcaa tcaggttctg gctcccgat acgggattag aggtttcct acaatcaaga 840
tatttcagaa aggcgagttc cctgtggatt atgacgggtg gcggacaaga tccgacatcg 900
tgtcccgggc ccttgatttg tttctgata acgccccacc tcctgagctg cttgagatta 960
tcaacgagga cattgccaaag aggacgtgtg aggagcacca gctctgtgtt gtggctgtgc1020
tgccccatat ccttgatact ggagctgcag gcagaaattc ttatctggaa gttcttctga1080
55 agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt ggggtggct gtggacagaa gctggagccc1140
agtctgaact tgagaccgcg ttggggattg gaggtttgg gtaccccgcc atggccgccal200

```

```

tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagttag caaggcatca1260
acgagtttct cagggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggagggcggg1320
ctttccctac catcggttag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccgtgg1380
aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gagttgtgag1440
5 agccacaaca gaggcttcag accatthttct tttcttggga gccagtggat ttttccagca1500
gtgaagggac attctctaca ctcatgatgac tctaccagtg gccttttaac caagaagtag1560
tacttgattg gtcatttgaa aacactgcaa cagtgaactt ttgcatctca agaaaacatt1620
gaaaaattct atgaattggt gtagccggtg aattgagtcg tattctgtca cataatattt1680
tgaagaaaac ttggctgtcg aaacattttt ctctctgact gctgcttgaa tgttcttgg1740
10 ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatttgaat attaatggct1800
ttttccatta aagaataaaa ttttttgac aatgccgata aatgtatgaa gttagtatcc1860
acatcataaa ttcagagtga tgttttagcag taaatcaata ttttgaagt atacacagat1920
gtctttcttc cccacaaact tttttaaaca aaaaacaaga cctcttttct ttagatgggt1980
ccacctatgc ccaccacaac agagatttta catggaaacc gggctcagtg agaactgatt2040
15 tctgcccacaa tttttgtctt tgggctgtct ctagtacta attattaagg atctagctg2100
gttatacagt tcaaggcttt ctatgttgtt aatgaacctc aaaatagccg ttaagacatg2160
aaatacagca gcagggttacc aatgcgaaca ggtagtctgc atttatgtaa aacattcaga2220
aaatgaagtt ttgaatttgt tggaaacattc aaaggacttg agagcatttt attgtaactt2280
aaaaaaataa atacaactgt cactaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
20 aa 2342

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1959 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

45

```

gcagttatat aataagtttg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60
tactcaaagt tccaaatctg aagaacatca tttgtactct aatccaatca aagaagaaat 120
gactgagtct aagttctcta agtactctga aatgagttag gaaaaacgag ccaaacttcg 180
tgaatttgag ctcaaagtta tgaagtttca ggatgaattg gaatctggga aaagacctaa 240
50 aaaaccaggc cagagttttc agagcaagt agaacactac agagataaac ttcttcaacg 300
agagaaagag aaagagtttag aaagagaacg agaaagagac aagaaaagata aagaaaaatt 360
ggaatctcgc tccaaagaca agaaggaaaa agatgagtgt actccgacaa ggaaggaaag 420
gaagaggcga cacagtacat cccccagccc atctcgcagt agcagtggta gacgagttaa 480
atccccatca ccaaaatcgg agcgatcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagctc 540
55 acggtccagg tcatctcaca aagattctcc tagagatggt agcaaaaaag ccaaaagatc 600
accatctggt tcaaggacac ctaaaagggtc taggcgatca cggctctagat ctcttaaaaa 660

```



```

atcaggaaaag aagtccagat cccagtcag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
gaaaaacaaa cactgacgta aatttttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
tttgtgcttg aacgggtctgt tttttaaaaa acaaaaaaat caaatgaaag agcattcctg 840
gggttttttg tttgtttgtg tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgtagatc 900
5 tgtcattgtt ttatattgtg taaattactt tcattgtggc tatttctcaa gatgaaattt 960
ttattgttct aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta1020
ttttgtttta ggatgttgtg acttagcaaa aataatacag atgtcttccc cccttttgtal080
gctttgacaa tttgaattag atttcaaata aaatctgaac agaaaactat aatgttgttt1140
ttttgcccc aacgggtgatat taagtcctct aaagtcctac tgagtttcac actactgttg1200
10 tgccttctat acctgatgca ctttataagc cccagtgttc aagtagctta agttttatat1260
ttactaagat gactatccaa attaaggagc ctgagactcc tatttgggtg tttgctaacc1320
atttgctttt gataagtttc tcttgggtaa tactaatacc cagatatcaa agactaggtal380
gatattggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctggctaaa acattttttt cacagaagca1440
atatgatttc catacatcca acccatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaaatt1500
15 aaatatcttt tcatctcttc ttctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaattttct1560
aacaaggttt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ctttttataa tcttctgtag1620
gctatctttc aaacactggc atcagaatat tttttataag tttgtgttta aacagcttag1680
ttgggtcccc cccccactcc caagagactt gggtttagtt atagctttaa gtaaaattta1740
aaaataaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaattggt tgtaaaattc aggtgcaaaa1800
20 agttgattta aaccatttgc agagttgaac tctattatga aaataaattt gctacgggtat1860
gaggaagaaa taaaacttgt gtaattgttg tcataatact gctataaata taataaagggt1920
ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1959

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3708 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

```

gcccttatta tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt ttttttttta cagcttataa 60
cacaactttt attagaaaag ttatacataa catagcatca actattttca agaacaatat 120
50 taaacccgat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtcttttta caaacgggga aaactccttg 240
gtttacaggc acatcatatt gaatataaag ctgcaatagc aatttttatac aattaccact 300
ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaatttaaa acatttcaca 360
taatttttaa ttattgggta tacactgaag tctgagtttc aaaagtgatt tttttttccc 420
55 acaaaagttt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcccta aaaagttaag 480
acatattctg ataatacata cagtcacatg atttctgatg ctatctggtc tgtaataaat 540

```

aaagtcttta tttggatgta tttttcttca attaaattac aggaaactgg atataggatt 600
tcgttgcaac gctattaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcactggaaa aggagatcag 660
tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
aagctaagtt gaccaggtgc ataatttccc atcagtcgtt ccttgtagta ggcagggcaa 780
5 tttctgtttt catgatcgga atactcaaat atatccaaac atctttttta aactttgatt 840
tatagctcct agaaaagttat gtttttttaat agtcactcta ctctaatacag gcctagcttt 900
gctcattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagttc atcagaaaaga 960
ctcaaatgga atgattttaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atctttttgt 1020
agctgaaggc tatcagtcac aacacaattt cgcgtacacc tctgctcatt atggaattac 1080
10 acttaaaacg aatctcaaga ggggtgacct tgtgttttca gataccatcc ctaaggagag 1140
tgggtaacag gaagattgcc agtggtactg atggaaagaa gtgtttgttt gttttttttt 1200
cttgctcaaa acttacacca tagtttttaa ttaactgtc aggcattttc tcagacaggt 1260
tttccttttc aatgcagtaa tgaagaacta agataaaaaat catgactttt gactgccact 1320
caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttct gaactgttaa aatcatcttc 1380
15 tgagtctttg ggggtgctgtt ttctccatca gaacacaaac acaacccatc taatcagttt 1440
ccctcaaaga tgaaattgac aaattttaatg tactggaaaa aaatgaagaa ggaaaaaggc 1500
aaagactttg tacagacaaa aatctaagtt ttctcaaagg gttctgtgtc ccctacacat 1560
gggggcaatt tgtaagcact agtgaatcaa acactagcta taatgcttct agctccttat 1620
ataatatgga accttgggcc aggtgttgcc atgatgtcac tgtacgggtc ttctgtgtc 1680
20 agctcaatag cttgctgctt ttttaagaacc aagaagctgt agaactttgc ggcagcttgt 1740
tttctgttcg tatttcgaca taactcaagc aaactgatag attcagctcc agttttagca 1800
agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtccttt tgttccatct tcttcttcc 1860
tgatcttgat cgccccctga tgcattctca tcttcttctt ctctcatcat tctttttcc 1920
ttctctttct cttctctttt ttctggcaga agttctaact ctgggtattag ctgacagata 1980
25 tttggaggtt cttctggggg aagctctaca ggtggtattt cccatctgct ctgggtcaat 2040
ttgtccagct tttcgcttaa ctccctgagg tgggtgtgga ggcatactg actcatctat 2100
gtttgtttct ctggcctcca tcaactgact ctggaggcgg cttggctctt caataatggg 2160
ctcatcgata acatcacgct gctgatgctg ctggtgctgg tctctctag gaacctctgg 2220
attttcaaat tctttgagga attcatccaa attatctgcc tctcctcctt tctcctttt 2280
30 tctaaggtct tctggtacaa gcggtgtaag acagcgtgta aagagcttca gtagtctgtt 2340
attccacaaa ggctgagcag gtaaaagaaa cagtttttct actcctcctg tctctttcca 2400
catcatcaat tcttgggtgg cgggtgccaga tccaaagtag taacaatatc tgaataatca 2460
ctaagttggg ctctaattgt cttgctatcc aactctttga cactgtcaac aattagcttc 2520
ctcttctctt tggcttttgt ttctttaaca gttatatcaa taggctccaa tgcaaatgct 2580
35 tcttctctcat ttggaacaag tgttgtttga tcagtcatgg ttggcattgg ttcaacggga 2640
tccactgaat caggactatc agggccaccc attgatacat tatcatcctc atccatatcg 2700
tcatgtgcag gctgctctgg caacatcacc cctgcctcag agagggcagg gggatcatca 2760
aagataccgc catcattatt actaataagt ttgtcatcta atattccacc atcatttctt 2820
tctccaaaat tatcatcctt atattgtact tcatattcta aatggttaat tttctcattc 2880
40 agattgctgg tgctctgttc agactctaatt aggaggttag aagtagtagt gcttactaac 2940
atgtcgtcat cctcaaaagc actgccttct ctcatatatc cactgatcat cattccaaaa 3000
tcacccaaat cattttcttg taaaatactg atgttcccaa cttcttctct catggttatc 3060
tcttccactc tactctgatt caagctgaac tgctgggcca catcgatgtc atctaagtc 3120
ggcagtggtc gatcaaagtc atgaaattct tcaggtaaaag taatggcatt ataagctgct 3180
45 tcccgaattt cctcaggcag gtcaaccaca cctgcccga aagccatctt tatcttaatg 3240
aatgcttcat tacagtctgc aagaaggtat ttggctttcc tgtgatagat tgaactact 3300
cccagtaaga gatgtcctga tgtccgtaat gccattttta cctttgggtg gatgatactc 3360
ttccacgctg ctctctaaat tacactcgaa cacatgggct ttggttagct tcttatccca 3420
atgggcccgt agccaaattc ttgccagagg cctcttttta ctgagaacaa aatgtgcgt 3480
50 gaacattgtt ctggctggct atgaaaacag aagaaaacct tgctctccgc tgggagttgg 3540
gcgggctggg tggcccgggg aggggaaaag ggtcggggga ggggggtggg aaagggggga 3600
gcccttgcca ggtgtagctt ccgagcagct ccccgccccc cacagccggc gcctccttcc 3660
cgattcactc aaacaaacaa gatggctgcc gtttaaccgc ggctcttc 3708

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

```
20  gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
    gaaaagagct gccatattac ccatacccca aacaaccaag atcgaactct cactattgtg 120
    gatactggaa ttggaatgac caaggctgac ttgatcaata accttggtac tatcgccaag 180
    tctgggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctgggtg cagatatctc tatgattggc 240
    cagttcgggtg ttggttttta ttctgcttat ttggttgctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
    aaacataacg atgatgagca gtacgcttggt gagtcctcag cagggggatc attcacagtg 360
25  aggacagaca caggtgaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
    gaccaaactg agtacttgga ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
    tttattggat atcccattac tctttttgtg gagaaggaac gtgataaaga agtaagcgat 540
    gatgaggctg aagaaaagga agacaaaagaa gaagaaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
    gaagacaaac ctgaaattga agatgttggt tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatggt 660
30  gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
    acaaaagccca tctggaccag aaatcccgac gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
    tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttggcag tgaagcattt ttcagttgaa 840
    ggacagttgg aattcagagc ctttctatct gtcccacgac gtgctccttt tgatctgttt 900
    gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
35  aactgtgagg agctaattccc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggt agactcggag1020
    gatctccctc taacatattc ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagttatc1080
    aggaagaatt tggtaaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag1140
    aactcaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaat acacgaagac1200
    tctcaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaaggtaact acacatctgc ctctggtgat1260
40  gagatggttt ctctcaagga ctactgcacc agaatgaagg agaaccagaa acatatctat1320
    tatatcacag gtgagaccaa ggaccaggtg gctaactcag cctttgtgga acgtcttcgg1380
    aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagcccattg atgagtactg tgtccaacag1440
    ctgaaggaat ttgaggggaa gactttagtg tcagtcacca aagaaggcct ggaacttcca1500
    gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtttga gaacctctgc1560
45  aaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaagg tggttgtgtc aaaccgattg1620
    gtgacatctc catgtgtgat tgtcacaagc acatatggct ggacagcaaa catggagaga1680
    atcatgaaag ctcaagccct aagagacaac tcaacaatgg gttacatggc agcaaagaaa1740
    cacctggaga taaaccctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggcagaggct1800
    gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcactctgc tttatgaaac tgcgctcctg1860
50  tcttctggct tcagtctgga agatccccag acacatgcta acaggatcta caggatgatc1920
    aaacttggtc tgggtattga tgaagatgac cctactgctg atgataccag tgctgctgta1980
    actgaagaaa tgccaccctt tgaaggagat gacgacacat cacgcatgga agaagtagac2040
    taatctctgg ctgagggatg acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata2100
    ttttcaagga tgtttttctt tatttttgtt aataattaaa agtctgtatg gcattgacaac2160
55  tacttttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact2220
    aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catgttgggt tattttcaca gattggggta2280
    acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gttaactttg tgtggtctaa agtgttttagc2340
    tgtcaagccg gatgcctaag tagaccaaat cttgtttattg aagtgttctg agctgtatct2400
```

```

5   tgatgttttag aaaagtattc gttacatctt gtaggatcta ctttttgaac ttttcattcc2460
    ctgtagttga caattctgca tgtactagtc ctctagaaat aggttaaact gaagcaactt2520
    gatggaagga tctctccaca gggcttggtt tccaaagaaa agtattgttt ggaggagcaa2580
    agttaaagc ctacctaacg atatcgtaaa gctgttcaaa aataactcag acccagtcct2640
10  gtggatggaa atgtagtgct cgagtcacat tctgcttaaa gttgtaacaa atacagatga2700
    gttaaaagat attgtgtgac agtgtcttat ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
    gttagtgccaa aaatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tggttaaaca ctagctgctc2820
    caagggttga catggtcttc ccagcatgta ctcagcagggt gtgggggtgga gcacatgtag2880
    gcacagaaaa caggaatgca gacaacatgc atcccctgcg tccatgagtt acatgtgttc2940
10  tcttagtgct cacgttggtt tgatgttatt catggaatac cttctgtgct aaatacagtc3000
    acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3045

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2815 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

```

    cagtggcggc gcaaccagcc ttctagggcg gcgaggaggt ggagtcaaca tatcaatgga 60
    gcaagtcaca gtcgtcgatg ccagcttctt cttgaaatct acccagaatg gaatcctgac 120
    aatgatacag gacacacaat gggatgatcca ttcattgttg agcagtctac aaatccagca 180
40  ccaggaattc tgggacctcc acctccctca tttcatcttg ggggaccagc agttggacca 240
    agaggaaatc tgggtgctgg aaatggaaac ctgcaaggac ctagacacat gcagaaaggc 300
    agagtggaaa ctagcagagt tgttcacatc atggattttc aacgagggaa aaacttgaga 360
    taccagctat tacagctggg agaaccattt ggagtcattt caaatcatct gattctaaat 420
    aaaattaatg aggcatttat tgaaatggca accacagagg atgctcaggc cgcagtggat 480
    tattacacaa ccacaccagc gttagtattt ggcaaggccag tgagagttca tttatcccag 540
    aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagtttga tcaaaagcaa 600
    gagcttggac gtgtgataca tctcagcaat ttgccgcatt ctggctattc tgatagtgtc 660
    gttctcaagc ttgctgagcc ttatgggaaa ataaagaatt acatattgat gaggatgaaa 720
    agtcaggctt ttattgagat ggagacaaga gaagatgcaa tggcaatggg tgaccattgt 780
    ttgaaaaaag ccctttgggt tcaggggaga tgtgtgaagg ttgacctgtc tgagaaatat 840
50  aaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaga ggcattgatt tactgaaaaa agataaatcc 900
    cgaaaaagat cttactctcc agatggcaaa gaatctccaa gtgataagaa atccaaaact 960
    gatggttccc agaagactga gagttcaacc gaagtaaaga acaagaagag aagtccgggtg1020
    aagatggtga gaaagacaca aaggatgacc agacagagca ggaacctaat atgcttcttg1080
    aatctgaaga tgagctactt gtgatgaag aagaagcagc agcactgcta gaaagtggca1140
55  gttcagtggg agacgagacc gatcttgcta atttagggtga tgtggcttct gatgggaaaa1200

```

```

5  aggaaccatc agataaagct gtgaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaaagaaaa1260
   agcttaaaaa ggtggacaag atcgaggaac ttgatcaaga aaacgaagca gcgttggaal1320
   atggaattaa aaatgaggaa aacacagaac cagggtgctga atcttctgag aacgctgatg1380
   atcccaacaa agatacaagt gaaaacgcag atgggtcaaag tgatgagaac aaggacgact1440
10 atacaatccc agatgagtat agaattggac catatcagcc caatgttcct gttggtatag1500
   actatgtgat acctaaaaca gggttttact gtaagctgtg ttcactcttt tatacaaatg1560
   aagaagttgc aaagaatact cattgcagca gccttcctca ttatcagaaa ttaaagaaat1620
   ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag1680
   atttaagtat ttcaaagaaa ataatggttc tttgttttta atgttaacct tttttaata1740
15 caatactgat agttagaaga aaactattgt actcttttgt tttagtggag aaataataga1800
   tgtctgttca tgtgttaagt gttatagcaa aaaaaataca catatgggta agttaatgaal860
   tagtttttgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgtagagat tgacttcctal920
   agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatgaal980
   atttagtagt tccaagtttc aaagaaatgt caacatttta ttcattcaa taaagaacaa2040
20 aaccaatagt gtttttatta ctttcactctg aaacattcca tggttttaac tgagccttg2100
   agactttcat ttggagtttg aaccogtttt ggttgcattt catttttgga gaacttaatt2160
   aacgtgagat tggcaattga aatgcagggtg cagttttctg ttaatgtcat gctgtgtgtt2220
   aggtaataag aaatattaag taattggctt tagattttgt aatttttttc cctgagttcc2280
   tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagt aaatgcaaaa atattcccat2340
25 tatctttgac cagtattaat ttttgagatc ttactgcttg tcacttgaat cccgtgattg2400
   tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctcttcata2460
   ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttgcccat aatcctagat2520
   gcacgcttct aattcatgta cctgcacatg tgacctttgt gaacagaaat ttgcatgtat2580
   aatttgtgtt tacttgaac tttctgggta tatactgctt atatctgtg attcaagtta2640
30 ctgaagtga taccataaa aagaaaaccc taggccatgt taattgggta tacatgtttg2700
   gaatgttaac caaaaaaaa aacagttgtg gtttttattc gctcttaaac tttgtgcatg2760
   ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta 2815

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

```

55 ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60
   agcggctctt tccgctatct gccgcttgct caccggaagc gagttgagac acggcagggt 120
   cccgcccgga agaagcgacc aaagcgcttg aggaccggca acatgggtgc gtcggggaat 180

```

```

aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggt 240
atagaatccc catttgaaca agcaaagaag gtgataacca tgtttgtaca gcgacaggtg 300
tttgctgaga acaaggatga gattgcttta gtcctgtttg gtacagatgg cactgacaat 360
cccccttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgtacca 420
5 gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggttctca acaggctgac 480
ttcctggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
tttgagaaga ggcataattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccttgcaatt cttcttgcc 660
ttctcacttg gcaaggaaga tggaaagtgg gacagaggag atggccctt tcgcttaggt 720
10 ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
atagtgaaga tggatgatgat atcttttaga ggtgaagatg ggttgatga aatttattca 840
ttcagtga gaactgagaaa actgtgcgtc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
tggccctgcc gactgacat tggctccaat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
attctacagg agagagttaa aaagacttgg acagttgtgg atgcaaaaac cctaaaaaaa 1020
15 gaagatatac aaaaagaaac agtttattgc ttaaagtatg atgatgaaac tgaagttttal 1080
aaagaggata ttattcaagg gttccgctat ggaagtgata tagttccttt ctctaaagtgl 1140
gatgaggaac aaatgaaata taaatcggag gggaagtgtc tctctgtttt gggattttgtl 1200
aaatcttctc aggttcagag aagattcttc atgggaatc aagttctaaa ggtctttgcal 1260
gcaagagatg atgaggcagc tgcagttgca ctttccctcc tgattcatgc ttggatgac 1320
20 ttagacttgg tggccatagt tgcataatg tatgacaaaa gagctaatac tcaagtcggc 1380
gtggcttttc ctcatacaaa gcataactat gagggtttag tgtatgtgca gctgcctttcl 1440
atggaagact tgcggcaata catgttttca tccttgaaaa acagtaagaa atatgctccc 1500
accgaggcac agttgaatgc tgttgatgct ttgattgact ccatgagctt ggcaagaaaa 1560
gatgagaaga cagacaccct tgaagacttg tttccaacca ccaaaatccc aaatcctcgal 1620
25 tttcagagat tatttcagt tctgctgcac agagctttac atccccggga gcctctaccc 1680
ccaattcagc agcatatttt gaatatgctg aatcctcccg ctgaggtgac aacgaaaagt 1740
cagattcctc tctctaaaaa aaagaccctt tttcctctga ttgaagccaa gaaaaaggat 1800
caagtgaactg ctcaggaaat tttccaagac aaccatgaag atggacctac agctaaaaaa 1860
ttaaagactg agcaaggggg agcccacttc agcgtctcca gtctggctga aggcagtgtc 1920
30 acctctgttg gaagtgtgaa tcctgctgaa aacttccgtg ttctagtga acagaagaag 1980
gccagctttg aggaagcgag taaccagctc ataaatcaca tcgaacagtt tttggatact 2040
aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcatcc gagccttccg ggaagaagcc 2100
attaagtttt cagaagagca gcgctttaac aacttccctga aagcccttca agagaaagt 2160
gaaattaaac aattaaatca tttctgggaa attgttgtcc aggatggaat tactctgatc 2220
35 accaaagagg aagcctctgg aagttctgtc acagctgagg aagccaaaaa gtttctggcc 2280
cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgtatttg aagaaggtgg tgatgtggac 2340
gatttattgg acatgatata ggtcgtggat gtatggggaa tctaagagag ctgccatcgc 2400
tgtgatgctg ggagttctaa caaaacaagt tggatgcggc cattcaaggg gagccaaaat 2460
ctcaagaaat tcccagcagg ttacctggag gcggatcatc taattctctg tggaatgaat 2520
40 acacacatat atattacaag ggataattta gaccccatat aagtttataa agagtcattg 2580
ttattttctg gttggtgtat tttttttct gtggtcttac tgatctttgt atattacata 2640
catgctttga agtttctgga aagtagatct tttcttgacc tagtatatca gtgacagttg 2700
cagcccttgt gatgtgatta gtgtctcatg tggaaacctg gcatggttat tgatgagttt 2760
cttaaccctt tccagagtc ccttttgcc gatcctccaa cagctgtcac aacttgtgtt 2820
45 gagcaagcag tagcatttgc ttcctcccaa caagcagctg ggttaggaaa accatgggta 2880
aggacggact cacttctctt tttagttgag gccttctagt taccacatta ctctgcctct 2940
gtatataggt ggttttcttt aagtgggggt ggaaggggag cacaatttcc cttcatactc 3000
cttttaagca gtgagttatg gtggtggtct catgaagaaa agaccttttg gcccaatctc 3060
tgccatatca gtgaaccttt agaaactcaa aaactgagaa atttactaca gtgtagtaa 3120
50 ttatatcact tcaactgttct ctacttgcaa gcctcaaaga gagaaagttt cgttatatta 3180
aaacacttag gtaacttttc ggtctttccc atttctacct aagtcagctt tcatctttgt 3240
ggatgggtgc tcctttacta aataagaaaa taacaaagcc cttattctct tttttcttg 3300
tcctcattct tgccttgagt tccagttcct ctttgggtga cagacttctt ggtacccagt 3360
cacctctgtc ttcagcacc tcataagtcg tctaataac acagttttgt acatgtaaca 3420
55 ttaaaggcat aaatgactca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3462

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 668 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

20 atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcca 60
gtacaggagc tcgtgccgtg gccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga120
cgggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gaggagctcc atgtcgggtgt180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttccag cagcgtctgg240
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgctgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg300
25 gccccggcag cacggtcctg ctgggtgggtg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct480
tcgaggggaa gcccttgag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga540
gcaccgtgtt catgaatctg cgctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct600
30 aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga660
gaaaaaaa 668

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 671 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```
5  ggaaaccggt ctcattgaac tcgcctgcag ctcttgggtt ttttgtggct tccttcgtta 60
   ttggagccag gcctacaccc cagcaaccat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct 120
   tggcaccacc tactcttgtg tgggtgtttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgccaa 180
   tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgtcgccttt acggacactg aacggttgat 240
   cggtgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaacccacc aacacagttt ttgatgccaa 300
10 acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tgttgtccag tctgatatga aacattggcc 360
   ctttatggtg gtgaatgatg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaatata agggagagac 420
   caaaagcttc tatccagagg aggtgtcttc tatggttctg acaaagatga aggaaattgc 480
   agaagcctac cttgggaaga ctgttaccaa tgcttgtggt cacagtgcc gcttacttta 540
   atgactctca gcgtcaggct accaaaagat gctggagact attgatggtc tgcaatgtac 600
15 ttttaggaatt atttaatgga gccaaacttg tgcttggtaa tttctttacg ggtttgggca 660
   aaaaaaggtt t                                     671
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```
45 agtggaggag ggagagacgc tggcccggga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
   ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctgggt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
   agtcgccaca cctttgcccc tgctgcgatg accctgtcgc cacttctgct tcggacgtcc 180
   ccacggcggc ggtgcaggcg tccccctctg aagcgtaga cttctttggg aatgggccac 240
   cagttaacta caagacaggc aatctatacc tgcgggggcc cctgaagaag tccaatgcac 300
   cgcttgtaaa tgtgaccctc tactatgaag cactgtgcgg tggctgccga gccttcctga 360
   tccgggagct cttcccaaca tggtctgttg tcatggagat cctcaatgtc acgctgggtgc 420
   cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcagggt ggagttcaag tgccagcatg 480
50 gagaagagga gtgcaaattc aacaagggtg aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
   agctagcctt cctgaccatt gtctgcatgg aagagttaga ggacatggag agaagtctgc 600
   cactatgcct gcagctctac gccccagggc tgtcgccaga cactatcatg gagtgtgcaa 660
   tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgccca gcggacagat gctctccagc 720
   caccgcacga gtatgtgccc tgggtcaccg tcaatgggaa acccttgga gatcagaccc 780
55 agctccttac ccttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccggatgtc tgcccttcct 840
```


caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900
 tggaaggcga gtgggaaccc ggctgcctgc ctttttttct gatccagacc ctccggcacct 960
 gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac1020
 cccatgatca agaatcctgc tccactaaga atggtgctaa agtaaaacta gtttaataag1080
 5 cccaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 10 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

30 aaagcagccg ccggcgccgg gtgcctcaca gcaagctgcc acgccgacgc agaccctct 60
 ctgcacgccg gcccgccgc acccaccatg gccacagttc agcagctgga aggaagatgg120
 cgctggtgg acagcaaagg ctttgatgaa tacatgaagg agctaggagt gggaatagct180
 ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggccaagcca gattgtatca tcaacttgtga tggtaaaaac240
 35 ctcaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttcttgtac cctgggagag300
 aagtttgaag aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaa ctttacagat360
 ggtgcattgg ttcagcatca ggagtgggat gggaaggaaa gcacaataac aagaaaattg420
 aaagatggga aattagtggg ggagtgtgtc atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat480
 gaaaaagtag aataaaaatt ccatcatcac tttggacagg agttaattaa gagaatgacc540
 40 aagctcagtt caatgagcaa atctccatac tgtttctttc tttttttttt cattactgtg600
 ttcaattatc tttatcataa acattttaca tgcagctatt tcaaagtgtg ttggattaat660
 taggatcatc cttttggtta ataaataaat gtgtttgtgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa720

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 837 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

15 ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60
cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag120
cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180
gaaggtgttt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctctct240
atcacatatg acatcagtca gttgtttgat ttcacgatg atctggcaga cctcagctgc300
20 ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag420
cactgggggg gttgggggtg gcttggaaca caggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt480
tttgtatcat agtaatcctg ttccactttt gttatactct agccaagatt gactgtatta540
gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc600
25 tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac720
taacccttct tcaagatggg gtgggggggt gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780
aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 837

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

```

5  gtagggtcag cgtcggaggc ggtagtgaag gtggcggttc cttgaggaag agtgaggggtt 60
   ccaacttttc tgcttatctg ggaggtgttg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa120
   gcagccggta gacttaggtc tgtagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga180
   agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attgggatga240
   tgacaatgta gaggatgact tctctaataca gttacgagct gaactagaga aacatgggta300
   taagatggag acttcatagc atccagaaga agtggtgaag taacctaaac ttgacctgct360
   taatacattc tagggcagag aaccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420
   atctgcttg atttatttgt gtttttgtaa cacaaaaaat aaatgttttg atataaaaag480
10 gaaagagaaa aattgcgg                                     498

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1077 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

```

   cggctcgagc tggtagaaca gggcacacgt gtttcacgtt gacaggtttg cttgggacgc 60
   tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagtta agaagaaaat acacacaagt 120
   atacagactg ttcttagttt cttagactta tctgcatatt ggataaaata aatgcaattg 180
40  tgctcttcat ttaggatgct ttcattgtct ttaagatgtg ttaggaatgt caacagagca 240
   aggagaaaaa aggcagtcct ggaatcacat tcttagcaca cctacacctc ttgaaaatag 300
   aacaacttgc agaattgaga gtgattcctt tcctaaaagt gtaagaaagc atagagattt 360
   gttcgtattt agaatgggat cagcaggaaa agagaaggaa agtgattttt ttccacaaga 420
   tctgtaatgt tatttccact tataaaggaa ataaaaaatg aaaaacatta tttggatatt 480
45  aaaagcaaat aaaaacccaa ttcagtctct tctaagcaaa attgctaag agagatgaac 540
   cacattataa agtaattctt ggcgtgaagg cattttcatc tttccttcgg gttggcaaaa 600
   tattttaaag gtaaaacatg ctggtgaacc aggggtgttg atggtgataa gggaggaata 660
   tagaatgaaa gactgaatct tcctttgttg cacaaataga gtttggaata agcctgtgaa 720
   aggtgtcttc tttgacttaa tgtctttaaa agtatccaga gatactacaa tattaacata 780
50  agaaaagatt atatattatt tctgaatcga gatgtccata gtcaaatttg taaatcttat 840
   tcttttgtaa tatttattta tatttattta tgacagtga cttctgatt ttacatgtaa 900
   aacaagaaaa gttgaagaag atatgtgaag aaaaatgtat ttttcctaaa tagaaataaa 960
   tgatcccatt ttttggtaaa aaaaagtatg tgagatttat tcgtaaacgt gactacttta1020
   tttctaaata agagattccc tacctgcgtc ctacaagcag ttcagaatgc catgcct 1077
55

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1755 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

```
25  cgcagggctg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60
    ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120
    aactggaaac acaaagatgc agccatctac ctagtgcacat ctttggcatc aaaagcccaa 180
    acacagaagc atggaattac acaagcaa atgacttgtaa acctaactga gttctttgtg 240
30  aatcacatcc tccctgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaaagct 300
    gacggtatca aatatattat gatttttaga aatcaagtgc caaaagaaca tcttttagtc 360
    tcgattcctc tcttgattaa tcatcttcaa gctgaaagta ttggtgttca tacttacgca 420
    gctcatgctc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480
    gctgcagaaa tgcaccggtt tgttgagatt ctgctaacaa accttttcaa agctctcaca 540
35  cttcctggct cttcagaaaa tgaatatatt atgaaagcta tcatgagaag tttttctctc 600
    ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctacagctac acagaagcta 660
    ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatgtt tgaagcaata 720
    tgtttatcca taagaataac ttgcaaagct aacctgctg ctggtgtaaa ttttgaggag 780
    gctttgtttt tgggtgtttac tgaaatctta caaatgatg tgcaagaatt tattccatac 840
40  gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttcctat 900
    atggccttat ttcctcatct ctttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aaatattcct 960
    gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcggtt caaacacaat agcaagtgc 1020
    gcagctgaca aaattcctgg gttactaggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagca 1080
    aatgaccacc aaggttttta tcttctaaac agtataatag agcacatgcc tcctgaatca 1140
45  gttgaccaat ataggaaaca aatcttcatt ctgctattcc agagacttca gaattccaaa 1200
    acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc tttattaatt tgtattgcat aaaatatggg 1260
    gcactagcac tacaagaaat atttgatggt atacaaccaa aaatgtttgg aatggttttg 1320
    gaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aaagatctgt 1380
    gcggttgcca taaccaaatt actaacagaa tgtcccccaa tgatggacac tgagtatacc 1440
50  aaactgtgga ctccattatt acagtctttg atgtgtcttt ttgagttacc cgaagatgat 1500
    accattcctg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caccaggata tcagactgcc 1560
    ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgac ctgtaggtca aatggatgat 1620
    aaccccaaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagttgt ctaccgcctg tccaggaagg 1680
    gttccatcaa tggcaaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaagga 1740
55  tagtagtagt tctgg                                     1755
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1545 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

25 gttcggcgag cgagcacctt cgacgcgggtc cggggacccc tcgtcgtgtt cctcccgacg 60
cggaccgggt gccccaggct cgcgctgccc ggcagggtgc tcgtgtccca ctcccggcgc 120
acgcctcccc cgagtcctcg gcccctccc cgccctctt ctgggcgcgc gcgcagatgg 180
gcgccccgc aggtcctcgc gttcgggctt ctgcttgccg cggcgacggc gacttttgcc 240
gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaaac tacaagctgg ccgtaaactg ctttgtgaat 300
30 aataatcgtc aatgccagtg tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgctcaaag 360
ctggctgcca aatgttttgt gatgaaggca gaaatgaatg gtcaaaact tgggagaaga 420
gcaaaacctg aaggggccct ccagaacaat gatgggcttt atgacctga ctgcgatgag 480
agcgggctct ttaaggccaa gcagtgaac ggcacctcca tgtgtggtg tgtgaacact 540
gctggggtca gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600
35 tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaa aaccttatga tagtaaaagt 660
ttgcggactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatc aactggatcc aaaatttatc 720
acgagtattt tgtatgagaa taatgttatc actattgatc tggttcaaaa ttcttctcaa 780
aaaactcaga atgatgtgga catagctgat gtggcttatt attttgaaaa agatgttaaa 840
ggtgaatcct tgtttcattc taagaaaatg gacctgacag taaatgggga acaactggat 900
40 ctggatcctg gtcaaaacttt aattttattat gttgatgaaa aagcacctga attctcaatg 960
cagggtctaa aagctggtgt tattgctggt attgtggtt tgggtgtagc agttgttgct 1020
ggaattgttg tgctggttat ttccagaaag aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag 1080
ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcat aactatataa tttgaagatt 1140
atagaagaag ggaaatagca aatggacaca aattacaaat gtgtgtgcgt gggacgaaga 1200
45 catctttgaa ggtcatgagt ttgttagttt aacatcatat atttgtaata gtgaaacctg 1260
tactcaaaat ataagcagct tgaaactggc tttaaccaatc ttgaaatttg accacaagt 1320
tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttggc ctccatcgtt aaaattat 1380
atgtgtaaca ttcaaatgtg tgcattaaat atgcttcac agtaaaatct gaaaaactga 1440
tttgtgattg aaagctgcct ttctatttac ttgagtcctg tacatacata cttttttatg 1500
50 agctatgaaa taaaacattt taaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1133 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

gcgcggtatt atcgggtaga catctcgac cgcgctctcg aaaccggtag cgcttgcagc 60
atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagcttt ttcactattt 120
gacaaagatg gtgatggaac tataacaaca aaggaattgg gaactgtaat gagatctctt 180
25 gggcagaatc ccacagaagc agagttacag gacatgatta atgaagtaga tgctgatggt 240
aatggcacia ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaagaaaa atgaaagaca 300
cagacagtga agaagaaatg agagaagcat tccgtgtgtt tgataaggat ggcaagggct 360
atatgagtgc tgcagaactt cgccatgtga tgacaaacct tggagagaag ttaacagatg 420
aagaagttga tgaaatgatc agggaagcag atattgatgg tgatgggtcaa gtaaaactatg 480
30 aagagtttgt acaaattgat acagcaaaagt gaagaccttg tacagaatgt gttaaatttc 540
ttgtacaaaa ttgtttattt gccttttctt tgtttgtaac ttatctgtaa aaggtttctc 600
cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aattaggact tcattcctcc atgttttctt 660
cccttatctt actgtcattg tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggtaacat 720
gttgcatgtg gcttactctg gggaaaatct taagcccttc tgcacatcta aacttagatg 780
35 gagttgggtc aatgagggaa catctgggtt atgccttttt taaagtagtt ttcttttagga 840
actgtcagca tgttggtgtt gaagtgtgga gttgtaactc tgcgtggact atggacagtc 900
aacaatatgt acttaaaagt tgcactattg caaaacgggt gtattatcca ggtactcgta 960
cactatTTTT ttgtactgct ggtcctgtac cagaaacatt ttcttttatt gttacttgct 1020
ttttaaaactt ggttttagcca cttaaaatct gcttatggca caatttgccc caaaatccat 1080
40 tccaagttgt atatttggtt tccaataaaa aaattacaat ttacccaaaa aaa 1133

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 791 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

gccgcccgcg cggacccggc gagaggcggc ggccgggagcg gcggtgatgg acgggtccgg 60
ggagcagccc agaggcggg ggcccaccag ctctgagcag atcatgaaga caggggccct120
15 tttgcttcag ggtttcatcc aggatcgagc agggcgaaatg gggggggagg cacccgagct180
ggccctggac ccggtgcctc aggatgcgtc caccaagaag ctgagcgagt gtctcaagcg240
catcggggac gaactggaca gtaacatgga gctgcagagg atgattgccg ccgtggacac300
agactccccc cgagaggtct ttttccgagt ggcagctgac atgttttctg acggcaactt360
caactggggc cgggttgctg cccttttcta ctttgccagc aaactgggtgc tcaaggccct420
20 gtgcaccaag gtgccggaac tgatcagaac catcatgggc tggacattgg acttcctccg480
ggagcggctg ttgggctgga tccaagacca ggggtggttg gacggcctcc tctcctactt540
tgggacgccc acgtggcaga ccgtgaccat ctttgtggcg ggagtgtca ccgcctcact600
caccatctgg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tggactgtgt ttttcctcca660
taaattatgg catttttctg ggaggggttg ggattggggg acatgggcat ttttcttact720
25 tttgtaatta ttggggggtg tggggaagag tggctctgag ggggtaataa acctccttcg780
ggacacaaaa a 791

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 599 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

tcttgccctc accatgaagt ccagcggcct cttcccccct ctggtgctgc ttgccctggg 60
aactctggca ccttgggctg tggaaaggctc tggaaagtcc ttcaaagctg gagtctgtcc120

```

tcctaagaaa tctgcccagt gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180
gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttggtggc atcaaagcc tggatcctgt240
tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgactt atggccaatg300
5 tttgatgctt aaccccccca atttctgtga gatggatggc cagtgcaggc gtgacttgaa360
gtgttgcatg ggcattgtgtg ggaaatcctg cgtttccctt gtgaaagctt gattcctgcc420
atatggagga ggctctggag tctgtctctg tgtgggccag gtcctttcca ccctgagact480
tggctccacc actgatatcc tcctttgggg aaaggcttgg cacacagcag gctttcaaga540
agtgccagtt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaa 599

```

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

(A) LÄNGE: 643 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

```

35 ggccccgcgg ctcgggcgta ggaggcgggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcggaacc 60
cgagcaggac tctccagtc tcaagtcacct tggacaaaga agtgtggatc ctcagattcc120
atcttttcca actccaaggt gccatggcag agaaggtgct ggtaacaggt ggggctggct180
acattggcag ccacacgggtg ctggagctgc tggaggctgg ctacttgcc tgggtcatcg240
ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcggtgcc300
40 aggagctgac aggcgcgtct gtggagtttg aggagatgga cattttggac caggagagccc360
tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcggtcat ccactttgcg gggctcaagg420
ccgtgggcga gtcgggtgcag aagcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480
tccagcttct ggagatcatg aaggccacg ggggtgaagaa cctggtgttc agcagctcag540
ccactgtgta cgggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccacc ccacggggtg600
45 ggatgtaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

```
ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag tgccctccaga ggactggcca cattttgcct 60
agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcacaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctccctttca cagactgtcc ggagtctttg ggtttgattc acctgctgcg aaaaacattc360
aacaatttgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga tttgaataac tagacattat420
25 ttatgctgcc aaactcattt gttgcagttg tttgtaatgt ctagtggggc ttcatcatcc480
tgaaaagaag gagacagga tttttttaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttctttc540
cttccttttt tcttcttttc ctttcttctt tctctttctt tctttttaa atatattgaa600
gacaaccaga tatgtatttg ctactcaagt gtacagatct cctcaagaaa catcaaggga660
ctcctgtgtc acatactgtg tttttatatt aacatgggtg agggaggcga cctgatcagg720
30 ggaggtgggg gtacacatca atttgagttg ttcaggctac tgaaacatta aaatgtgaat780
tcccaaactt ttcttttttg cattgttcgg gggataggga aatatcgttt ttaaaggagt840
cttggaatt ggggtgtgga 860
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

```

5  cggggctcgc ccagcctggt ccgggggagag gactggctgg gcagggggcgc cgccccgcct 60
   cgggagagggc gggccggggcg gggctgggag tatttgaggc tcggagccac cgccccgcgc 120
   gcgccccgag cacctcctcg ccagcagccg tccggagcca gccaacgagc ggaaaatggc 180
   agacaatttt tcgctccatg atgcgttatc tgggtctgga aacccaaacc ctcaaggatg 240
   gcctggcgca tgggggaacc agcctgctgg ggcagggggc taccagggg cttcctatcc 300
10  tggggcctac cccgggcagg cacccccagg ggcttatect ggacaggcac ctccaggcgc 360
   ctaccctgga gcacctggag cttatccccg agcacctgca cctggagtct acccagggcc 420
   acccagcggc cctggggcct acccatcttc tggacagcca agtgccaccg gagcctaccc 480
   tgccactggc ccctatggcg cccctgctgg gccactgatt gtgccttata acctgccttt 540
   gcctggggga gtgggtgcctc gcatgctgat aacaattctg ggcacgggtg agcccaatgc 600
15  aaacagaatt gcttttagatt tccaaagagg gaatgatgtt gccttccact ttaaccacg 660
   cttcaatgag aacaacagga gagtcattgt ttgcaatata aagctggata ataactggg 720
   aagggaagaa agacagtcgg ttttcccatt tgaaagtggg aaaccattca aaatacaagt 780
   actggttgaa cctgaccact tcaaggttgc agtgaatgat gctcacttgt tgcagtacaa 840
   tcatcggtt aaaaaactca atgaaatcag caaactggga atttctggtg acatagacct 900
20  caccagtgt tcatatacca tgatataatc tgaaaggggc agattaaaaa aaaaaaaaaa 960
   atctaaacct tacatgtgta aagggttcat gttcactgtg agtgaaaatt ttacattca 1020
   tcaatatccc tcttgtaagt catctactta ataaatatta cagtgaaaaa aaaaaaaaaa 1080
   aaaaaaaaaa gtcgaaaaag gagggggaag gagagagagg gaagaagaga gaggagaagg 1140
   aggggggggg tgggt                                     1155

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 522 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```

50  aaaaatattt gctggaaatt gctgtgtagg attacaggcg tgaccactgc gcccgccac 60
   attc tttct tatcaaagaa ataaccaga cttaattctg aatgatacga ttatgcccac 120
   tattaagtaa aaaatataag aaaaggttat cttaaataga tcttaggcaa aataccagct 180
   gatgaaggca tctgatgcct tcatctgttc agtcatctcc aaaaacagta aaaataacca 240
   ctttttggtt ggcaatatga aattttttaa ggagtagaat accaaatgat agaaacagac 300
55  tgccctgaatt gagaattttg atttctttaa gtgtgtttct ttctaaattg ctgttcctta 360

```

atttgattaa ttttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420
 tgaaataatt actaattaat cacaaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaca480
 ttctaattaa aggctttgca acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1628 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

30 ccagctcgcc ctgcctagcc aggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60
 gccgcttcca ataggcggtc gccattggct ctggcgacct ccgcgcgttg ggaggtgtag 120
 cgcggtctctg aacgcgctga gggcggttga gtgtcgagg cggcgagggc gcgagttagg 180
 agcagaccca ggcacgcgc gccgagaagg ccggcgctcc ccacactgaa ggtccggaaa 240
 ggcgacttcc gggggctttg gcacctggcg gacctctccg ggcgctcgcc acctgaacgc 300
 gaggcgctcc attgcgcgtg cgcgttgagg ggcttcccgc acctgatcgc gagaccccaa 360
 35 cggtcggttg cgtcgccctgc gcgtctcgcc tgagctggcc atggcgagc gtgcgggctg 420
 aggcggagcg ggcgtttctc gccctgcttg gatecgtgct cctctctggg gtcctggcgg 480
 ccgaccgaga acgcagcatc cagcacttct gcctggtgtc gaaggtggtg ggcagatgcc 540
 gggcctccat gcctaggttg tggtaaatg tcaactgacg atcctgccag ctggttggtg 600
 atgggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgaccaa ggaggagtgc ctcaagaaat 660
 40 gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagcggatt 720
 cctctgtccc aagtgtctcc agaaggcagg attctgaaga ccaactccagc gatatgttca 780
 actatgaaga atactgcacc gccaacgcag tcaactgggc ttgccgtgca tccttcccac 840
 gctgggtactt tgacgtggag aggaactcct gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900
 gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgct ccgctgcttc cgccagcagg 960
 45 agaatcctcc cctgccccct ggctcaaagg tgggtggttct ggcggggctg ttcgtgatgg1020
 tggtgatcct ctctctggga gcctccatg tctacctgat ccgggtggca cggaggaacc1080
 aggagcgctg cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtgaagall140
 acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactg ggggaaggag gggagactat1200
 gtgtgagctt tttttaaata gagggattga ctcggaattg agtgatcatt agggctgagg1260
 50 tctgtttctc tgggaggtag gacggctgct tcttggtctg gcagggatgg gtttgcctttg1320
 gaaatcctct aggaggctcc tctcgcagc gcctgcagtc tggcagcagc cccgagttgt1380
 ttctcgcgtg atcgatttct ttctccagg tagagtttct tttgcttatg ttgaattcca1440
 ttgcctcttt tctcatcaca gaagtgatgt tggaaatcgt tcttttgttt gtctgatatta1500
 tggttttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagtaaaa1560
 55 tgtacaagtt taataaaaaa gggccttccc cttagaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1620
 aaaaaaaa 1628

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 605 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

```
cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcatcagg 60
actggcttta tctcctgact cacggtgcaa aggtgcactc tgcgaacggt aagtcctgcc120
ccagcgcttg gaatcctacg gccccacag ccggatcccc tcagccttcc aggtcctcaal80
ctcccgcgga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240
cgtcctgggc tggctggccg tcatgctgtg ctgcgcgctg cccatgtggc gcgtgacggc300
cttcacggc agcaacattg tcacctcgca gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360
cgtggtgcag agcaccggcc agatgcagtg caaggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420
gcaggacctg caggcgggccc gcgccctcgt catcatcagc atcatcgtgg ctgctctggg480
cgtgctgctg tccgtggtgg ggggcgaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540
ccaagggcaa gaacatgatt cgttggcggg cgtgggtgtt tctgtttggg ccggcctaata600
gggtg 605
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2731 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```
10 agggggggcg acagacacag actatgcaga tgggagtgaa gacaaagtag tagaagtagc 60
   agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgatgagg tagaggaaga 120
   ggctgaggaa ccctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtgggtc 180
   gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccg agcaatgatc tcccgtggt 240
   actttgatgt gactgaaggg aagtgtgccc cattctttta cggcggatgt ggcggcaacc 300
15 ggaacaactt tgacacagaa gagtactgca tggccgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
   cagcagccag taccctgat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
   aacatgcccc tttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
   cccaggtcat gagagaatgg gaagaggcag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
   ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaagtgga atctttggaa caggaagcag 600
20 ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtggaaagg atgctcaatg 660
   accgcccggc cctggccctg gagaactaca tcaccgctct gcaggctgtt cctcctcggc 720
   ctgctcacgt gttcaatatg ctaaagaagt atgtccgcgc agaacagaag gacagacagc 780
   acaccctaaa gcatttcgag catgtgcgca tgggtgatcc caagaaagcc gctcagatcc 840
   ggtcccaggt tatgacacac ctccgtgtga tttatgagcg catgaatcag tctctctccc 900
25 tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagttgat gagctgcttc 960
   agaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattagttaa ccaaggatca 1020
   gttacggaaa cgatgctctc atgccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc 1080
   tcccgtgaa tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttgggctg 1140
   actctgtgcc agccaacaca gaaaacgaag ttgagcctgt tgatgccgcg cctgctgccg 1200
30 accgaggact gaccactcga ccaggttctg ggttgacaaa tatcaagacg gaggagatct 1260
   ctgaagttaa gatgatgca gaattccgac atgactcagg atatgaagt catcatcaaa 1320
   aattgggtgt ctttgcaaaa gatgtgggtt caaacaagg tgcaatcatt ggactcatgg 1380
   tgggcgggtg tgtcatagcg acagtgateg tcatcacctt ggtgatgctg aagaagaaac 1440
   agtacacatc cattcatcat ggtgtggtgg aggttgacgc cgctgtcacc ccagaggagc 1500
35 gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag tttttgagc 1560
   agatgcagaa ctgaccccc gccacagcag cctctgaagt tggacagcaa aaccattgct 1620
   tcaactacca tcggtgtcca tttatagaat aatgtgggaa gaaacaaacc cgttttatga 1680
   tttactcatt atcgctttt gacagctgtg ctgtaacaca agtagatgcc tgaacttga 1740
   ttaatccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttggtctc tatactaca 1800
40 tattaatggg ttttgtgtac tgtaaagaat ttagctgtat caaactagt catgaataga 1860
   ttctctcctg attatttatc acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtggtt 1920
   gtgacccaat taagtcctac tttacatatg cttaagaat cgatggggga tgcttcatt 1980
   gaacgtggga gttcagctgc tttcttgcc taagtattcc tttctgac actatgcatt 2040
45 ttaaagttaa acatttttaa gtatttcaga tgctttagag agatttttt tccatgactg 2100
   cattttactg tacagattgc tgcttctgct atatttgtga tataggaatt aagaggatac 2160
   acacgtttgt ttcttcgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcattgag acttcaagct 2220
   tttctttttt tgtccacgta tctttgggtc tttgataaag aaaagaatcc ctgttcattg 2280
   taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat 2340
   tctccaaaac aattttctgc aggatgattg tacagaatca ttgcttatga catgatcgct 2400
50 ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg 2460
   aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaattttgg gtggggagaa gaggcagatt 2520
   caattttctt taaccagtct gaagtttcat tttatgatac aaagaagatg aaatggaag 2580
   tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ccttctttta agatgtgtct 2640
   tcaatttgta taaaatggtg ttttcatgta aataaatata ttcttgagg agccaaaaaa 2700
55 aactatatta ctggcaggtt tataatatgg c 2731
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2194 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

```
gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60
tatcacctac ttttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
cactgctcct acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180
25 cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240
cggctggttg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttctg ggtctcactc tctcttctgc 300
atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360
cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacagggtc ttcacgcaat 420
ctactaattc cacacctttt attgacacag aaaatgttga gaatcccaaa tttgattgat 480
30 ttgaagaaca tgtgagaggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600
tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagg 660
tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720
acaggtaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780
35 gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840
tagatgaagt tttacattgt tgagctattg ctgttctctt gggaactgaa ctcaacttcc 900
tcttgaggct ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960
gggcaatgat gaatgagaat ctacccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat 1020
ccatatttag tcaaatggtg ggcatttctc atcacctgtt tccattcaac aagagcacta 1080
40 cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgcga ctaatttcaal 1140
aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc 1200
agtgtgtcga tctcagatca gtgtaccatt tgccctcccg gctcaagcga ttctcctgcc 1260
tcagcctccc aagtagctgg gattacaggc acctgccacc atgcccggct aatttttcta 1320
atttttagtag agacagggtt tcaccatggt gccacaggct gtttcgaact cctgacctca 1380
45 ggtgatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag ccccgcgccc 1440
cagccatcaa aatgcttttt atttctgcac atgttgaata ctttttacia tttaaaaaaa 1500
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaatc ttgaatttaa gaaggcaaaa atgtaaagga 1560
gtcaaaacta taaatcaagt atttgggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt 1620
cacaaacttt tatactcttt ctgtatatac attttttttc tttaaaaaac aactatggat 1680
50 cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tattttttag tagttagaac 1740
ctggctcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttacia ctgcctcgac 1800
acacataaac ctttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca 1860
ctgatgctta gatgttccag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtcc 1920
tttttttcca tcttttagaaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagt ttgaagctac 1980
55 tgtgtgtgtg aatgaacact ctgcttttat tccagaatgc tgtacatcta ttttgatttg 2040
tatattgtgt ttgtgtattt acgctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgtttgc 2100
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggaaagaaa 2160
aaagaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaggggg aggc 2194
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1812 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

25

cggaagggtgg accttggatg aattttgacg agaacaagtt cgtggaccga agaagatggg 60
ggccgcacgc ccaggcccg gccccgacga ggccgaggtg gacacctgcc ccctgcgcaa 120
aggaaacatg aaacagaccc tacaggcagc tctgaagaac ccccttatca acaccaagag 180
tcaggcagtg aaggaccggg caggcagcat tgtcttgaag gtgctcatct cttttaaacg 240
30 taatgatata gaaaaggcag ttcaatctct ggacaagaat ggtgtggatc tcctaatagaa 300
gtatatattat aaaggatttg agagcccgtc tgacaatagc agtgctatgt tactgcaatg 360
gcatgaaaag gcacttgctg ctggaggagt aggggtccatt gtctgtgtct tgactgcaag 420
aaaaactgtg tagtctggca ggaagtggat tatctgcctc gggagtggga attgctggta 480
caaagaccaa aacaaccaa tgccaccgct gccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc 540
35 tttgccttct tgctttttca tatctgtaaa gaaaaaaatt acatatcagt tgccttttaa 600
tgaaaatttg gataatatag aagaaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa 660
accatttcag tgatgtttat accaatctgt atatagtata atttacattc aagttaaatt 720
gtgcaacttt taaccctgtg tggctggttt tttgttctgt tttgttttgt attattttta 780
actaatactg agagatttgg tcagaatttg aggccagttt cctagctcat tgctagtcag 840
40 gaaatgatat ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgca aaactggacc 900
atatttccct tatttaataa gcaaaatatg tttttggaat aagtgggtggg tgaataccac 960
tgccaagtta tagctttgtt tttgcttgcc tcctgattat ctgtactgtg ggtttaagta1020
tgctactttc tctcagcatc caataatcat ggcccctcaa tttattttgt gtcacccagg1080
gttcagagca agaagtcttg ctttatacaa atgtatccat aaaatatcag agcttggtgg1140
45 gcatgaacat caaacttttg ttccactaat atggctctgt ttggaaaaaa ctgcaaatca1200
gaaagaatga tttgcagaaa gaaagaaaaa ctatggtgta atttaaactc tgggcagcct1260
ctgaatgaaa tgctactttc tttagaaata taatagctgc cttagacatt atgaggtata1320
caactagtat ttaagatacc atttaatatg ccccgtaaag gtcttcagtg ttcttcaggg1380
tagttgggat ctcaaaagat ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc1440
50 tcagtgtttt ctaaaaaaag aaactgccac acagcaaaaa attgtttact ttgttggaal500
aaccaaatca gttctcaaaa aatgaccggt gcttataaaa agttataaat atcgagtagc1560
tctaaaacaa accacctgac caagagggaa gtgagcttgt gcttagtatt tacattggat1620
gccagttttg taatcactga cttatgtgca aactggtgca gaaattctat aaactctttg1680
ctgtttttga tacctgcttt ttgtttcatt ttgttttgtt ttgtaaaaat gataaaactt1740
55 cagaaaataa aatgtcagtg ttgaataaaa taaaaaaaca aattgaagaa gaggatggag1800
atttcgactt gg 1812

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tegatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgagc aagaaggagc gcaagaagcg caaggcagcc180
30 gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcagggtccac cccgacaccg240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcatc acaacaagcg ctcgaccatc acctccagg360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480
35 tctctggaat ttcttgatat gaccaagaaa gcttcttatc aaaagaagca caattgcctt540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctagatggac600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcattttac660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttctctca720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
40 gtaccccact ggggggttgg ggtaatatc tgtggtcctc agccctgtac cttataaat840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2627 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

```
ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60
15 accttttagtg aagtagaagt atttgagtag cttgatgcag taacttatag ttgtgatcct 120
gcacctggag cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgattttattg ttgtgacaat 180
tcagtgtgga gtcgtgctgc tccagagtgt aaagtggcga aatgtcgatt tccagtagtc 240
gaaaatggaa aacagatatc aggatttgga aaaaaatttt actacaaagc aacagttatg 300
tttgaatgag ataagggttt ttacctcgat ggcagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360
20 agtacttggg atccccaggt tccaaagtgt cttaaagtgt cgacttcttc cactacaaaa 420
tctccagcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480
ccaggatata ctaaacctga ggaaggataa cttgacagtt tggatgtttg ggtcattgct 540
gtgattgtta ttgccatagt tgttggagtt gcagtaattt gtgttgtccc gtacagatat 600
cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatgggtggag ctgaatatgc cacttaccag 660
25 actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaac ctggtttgcc 720
agttcatctt ttgactctat taaaatcttc aatagtgtgt attctgtagt ttcactctca 780
tgagtgcacac tgtggcttag ctaatatgtc aatgtggctt gaatgtaggt agcatccttt 840
gatgcttctt tgaaacttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttcctttaa 900
taacacttag atttattgga ccagtcagca cagcatgcct ggttgatta aagcagggat 960
30 atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatta gagaaatata gttcacaatg aaattatatt1020
ttctttgtaa agaaagtggc ttgaaatctt ttttgttcaa agattaatgc caactcttaa1080
gattattctt tcaccaacta tagaatgtat tttatatatc gttcattgta aaaagccctt1140
aaaaatatgt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggg1200
aatatgcaca aacttggctt ctttaaccba gaattatttt ggaaaattct ctaaaagtta1260
35 atagggtaaa ttctctatct tttgtaatgt gttcgggtgat ttcagaaagc tagaaagtgt1320
atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaat1380
ttcagaatca gatgcacctt ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag1440
tgccacttca tgggtgcgaag tgaacactgt agtcttgttg ttttcccaaa gagaactccg1500
tatgttctct taggttgagt aaccactctt gaattctggt tacatgtgtt tttctctccc1560
40 tccttaataa aagagagggg ttaaaccatgc cctctaaaag taggtgggtt tgaagagaat1620
aaattcatca gataacctca agtcacatga gaattcttagt ccatttacat tgccttggct1680
agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcactctcta aaaggcagag tacaaagtaa1740
gccatgtatc tcaggaaggt aacttcattt tgtctatttg ctgttgattg taccaaggga1800
tggaagaagt aaatatagct caggtagcac tttatactca ggcagatctc agccctctac1860
45 tgagtccctt agccaagcag tttcttttcaa agaagccagc aggcgaaaag cagggactgc1920
cactgcattt catatcacac tgttaaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagttgcac1980
aaattggggc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgat tggaaaatca agagtgtaga2040
agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgttttatag tgctctgtaa atgttccttt2100
cctttgtagt ctctggcaag atgcttttagg aagataaaaag tttgaggaga acaaacagga2160
50 attctgaatt aagcacagag ttgaagttaa taccggtttc acatgctttt caagaatgtc2220
gcaattacta agaagcagat aatggtgttt tttagaacc taattgaagt atattcaacc2280
aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatatact tgtatagcag tttctgcttc2340
acatttgatt ttttcaaatt taatatattat attagagatc tatatatgta taaatatgta2400
ttttgtcaaa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgtttaaa2460
55 tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaat ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa2520
tgagaagtct cactgataga ggttctttat tgctcatttt ttaaaaaatg gactcttgaa2580
atctgttaaa ataaaattgt acatttggaa aaaaaaaaaa gccaaaaa 2627
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 976 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

```
25 ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctcaccgccg gcctcatcgc 60
    cgtcatcgtg gtggtcgtgg tggccctcgt cgcgcgcatg gccgtcctgg tgatcaccaal20
    ccggagaaag tcggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaa180
    ggaaccgagc ttgtaggtac ccggcggggc aggggatggg gtgggggtacc ggatttcggt240
    atcgtccccg acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
    cctttcaaat tcctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accaggttta atagatcctg360
30 gcctcagggt ctccctttct tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
    ccctttcggg ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
    ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aacccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
    cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaatgagt ttagatggga aatagcgttg ttatcgcctt600
    gggtttaaat tatttgatga gtccacttg tatcatggcc tacccgagga gaagaggagt660
35 ttgttaactg ggcctatgta gtagcctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
    gcttgtcact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttgga tgtctttgag780
    gacagacatt gcccggaaac tcagtctatt tattcttcag cttgccctta ctgccactga840
    tattggtaat gttctttttt gtaaaatgtt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
40 gtaatttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaa960
    aaaaaaaaaa aaaaac
```

976

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1427 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```

cttccggggt gactgcctct tccagggcgg gcggtgtggt gcagcattg ctgtgctcca 60
actccctcag ggctgtgtt gccgcactct gctgctatga gcttcctcaa aagtttcccg 120
15 ccgcctgggc cagcggagg gctcctgcgg cagcagccag aactgaggc tgtgctgaac 180
gggaaggggc tcggcactgg taccctttac atcgtgaga gccgcctgtc ttggttagat 240
ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgccaa atttgaagaa 360
gaatcaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaacct 420
20 attactgaat ttagatttgt gcctagtgat aaatcagcgt tggaggcaat gttcactgca 480
atgtgcgaat gccaggcctt gcatccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
acctatgaag aaggattatc ccatctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
gaaggaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggg caggacagaa 720
25 gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagttta agattctgct 840
cctaagtgtg ggagagaact tgggtgcctct tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
tttctctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960
aacaagtgtg caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaacttga tgaattaact1020
30 taaccaagag ggtatttgta gtttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtacccl080
tctgagtagg cctataattc ctaccttgac tgtgtgcac atttgtaagc tagcagatct1140
atgtggtgaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctcctttcgc1200
catgttttac cagtctgctg ttataacctc ttaggttgta tcctttaatt tccagccttt1260
taggttagtt tctgtaacag aacaagttag tctgggatga agtcctcaaa gtacttcaaa1320
35 tggtaattgt tttgtttttg taatagctta acaaataaac ctaggttttc tatattaaaa1380
aaaaaaaaa aaaaaaaaga aaggtacctg ccctaataat attctgc 1427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2639 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50

```
tccctatctt acccttcccg attctccttt tttcttttct ttttttatat ggctttcttc 60
ttttctttct ttcttttttc ttcccccttt tatttgacca gtgtaaataa caaacattta 120
ttggtgtcac ttatggtaga aaaaacttcc tacaccagat gcacatgacc cagttgttaa 180
atagaacatt ttgaagggtga acacacaccc taaccaggt tttttaccgc ctttttaaga 240
tggccaatct ttcttctccc cccaccccaa agacatgtga gcaactgcta atgaaaagca 300
gtaaacagcc gcttaggcta tagcagtttc aactccactc tgagggtgaag attccaatta 360
cattcgagac ttaagttctt tcaatttttt cctaacaaaa gtctctgagt ccagtatatta 420
caatattaca gcactagcag atcagtgtct acaactcctc tttttctgct gtatcctctt 480
caccagttgg gggaggccct gcacttccat agagtttgct gataattggg ggaacaattt 540
cttccagttc cttcttctta gctttgaagt cttcaatgtc agcatcttgg tggctttcca 600
gccattcaat cttttcttct acagcttttt ccatgggtct cttatcttca gaggaaagtt 660
tacctcccag cttttcttta tctccaatct gattctttag agaataggca tagctttcca 720
actcatttct agtatcaatg cgtcccttga gctttttgtc ttctcagca aacttctcag 780
catcattaac catcctttcg atttcttcag gtgtcaggcg attctgggtc ttggtgattg 840
tgcatttatt ttgttcctt gtacccttgt cttcagctgt cactcgaaga ataccattca 900
catctatctc aaagggtgact tcaatctgtg ggacccacag aggagcagga ggaattccag 960
tcagatcaaa tgtaccaga agatgattgt cttttgtcag ggtcttttca cttcatagaa 1020
ccttgattgt aacagttggg tgattatcag aagctgtaga aaagatctga gacttcttgg 1080
taggcaccac tgtgttctt ggaatcagtt tggatcatgac acctcccaca gtttcaatac 1140
caagtgtaa gggacatata tcaagcagta ccaggtcacc tgtatcttga tcaccagaga 1200
gcacaccagc ctggacagca gcaccatacg ctacagcttc atctgggttt atgccacggg 1260
atggttcctt gccattgaag aactctttta ccagttgctg aatctttgga attcgagtcg 1320
agccaccaac aagaacaatt tcatcaatat cagacttctt caaatcagaa tcttccaaca 1380
ctttctggac gggcttcata gtgaccgga acagatccat gttgagctct tcaaatttgg 1440
cccaggtcag ggtctcagaa aagtcttctc cttcatagaa ggactcaatt tcaattcttg 1500
cttgatgctg agaagacagg gcccgtttgg ccttttctac ctgcgcgcgg agtttctgca 1560
cagctctatt gtctttcttg acatctttgc cgttcttctt tttgtacagt ttgatgaagt 1620
gttccatgac acgctggtca aagtcttctc caccagatg agtatctcca ttagtggcca 1680
caacttcgaa gacaccattg tcaatggtga gaagagacac atcgaagggt ccgccacca 1740
ggtcaaacac caggatgttc ttctccccct cctctttatc caggccataa gcaatagcag 1800
ctgcgtagg ctcggtgatg atcctcataa catttaggcc agcaatagtt ccagcgtctt 1860
tgggtgcttg gcgttgggca tcaataaaat aggtcgttac agtaacaact gcatgggtaa 1920
ccttctttcc caaataagcc tcagcggttt ctttcatatt agtgagaacc atggcagaaa 1980
tttcttcagg agcaaagtgc tttgtttgcc cacctccaat atcaacttga atgtatggtt 2040
tagttttctt ttcaaccacc ttgaacggca agaacttgat gtctgtctgc acagacgggt 2100
cattccacgt gcggccgatg agcgcgttgg cgtcaaagac cgtgttctcg ggggtggagg 2160
tgagctggtt cttggcgga tcgccaatca gacgttcccc ttcaggagtg aaggcgacat 2220
aggacggcgt gatgcggttg cctgatcgt tggcgatgat ctccacgcgg ccgttcttga 2280
acacgccgac gcaggagtag gtggtcccca ggtcgatgcc gaccaccgtg cccacgtcct 2340
ccttcttgtc ctctctctcg gccgcgcg cgctgagcag cagcagcatc gcggccacca 2400
gggagagctt catcttgcca gccagttggg cagcagcagg cagtcagacc acaggccgta 2460
gcacaggagc acagcgcaat ttccgacttg caggcggcag gggcccgggg tcacaggcg 2520
ccacgaacca ggcgaagggc aggtctagaa atacaggccg cggcgcttcc ctctcacact 2580
cgcgaaacac cccaataggt caatctgtct gtgctgtctt ggccggcatc gaccttag 2639
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 634 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) RANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

ctcccgcgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg cccccgccc 60
gggcatagca ccattgctgc ttgtcgccca ggcccgctag ccgcccgcct cctcctcagc120
20 ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
cccgagctcc aggttgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
gacaacctca agtgctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
gagggttcct gccccaggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
tgccaggtgg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420
25 gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
agaaagtctc tgccctggcc tgcattctgt tccagcccac ctgccctccc ctttttcggg540
actctgtatt cctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaca aaaa 634

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 719 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
35 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

5 gtcgactttt tttttttttt ttttaacatgg aaaagtattt ttaaaaaatcg aataatccta 60
 ttcaagtcaa ccagtgttaa ccccggtgtg cttcctgcca gtctgttcct ccccatggga120
 gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaga gaagacaaag acccgcaaaa gatgtatgcc180
 accatctatg agctgaaaga agacaagagc tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240
 aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccagggt gccagcccgg cgagttcacg300
 ctgggcaaca ttaagagtta ccctggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360
 aactacaacc agcatgctat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420
 aagatcacc tctacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcac480
 10 cgcttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttccctgt cccaatcgac540
 cagtgtatcg acggtgagt gcacagggtc cgccagctgc cgcaccagcc cgaacaccat600
 tgaggagct gggagaccct cccacacagt ccacccatgc agctgtctcc caggccaccc660
 cgctgatgga gccccacctt gtctgtctaaa taaacatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaaa 719

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 20 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

40 gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
 ttgcgttcca aggcattctgt gagccgcgg agtatacacc atgagcaaag ctccacctcc120
 cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagtt atcattgaaa ttaaatggtg gcagacatgt180
 ccaaggaata ttgcgggggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatagatg aatgtgtgga240
 gatggcgact agtggacaac agaacaatat tggaatggtg gtaatacgag gaaatagtat300
 catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360
 45 tcctctctcc atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420
 attagacttt ttgttaaata aacttttcta atagtcaaaa aaaagtttgg tctcatctac480
 cttataatat ctgc 494

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1065 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```
20  acgcggtga ctacgtcaa agctccattg ttagatcctt tctgtcctcc ttcttggtc 60
    ctcccttctc cccacccctc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcgggggt 120
    cactctgctc ttcaccatgg ctttcattgc caagtccttc tatgacctca gtgccatcag 180
    cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
    tgtggcttcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
    ccgctttccc aggcgcctgg tggctccttg cttcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
25  gaactgtcag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagtat gtccgtcctg ggggtggata 420
    ccagcccaac ttcacccttg tccaaaaatg tgaggtgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
    cttcgccctac ctgaaggaca agctccctta cccttatgat gacccatttt ccctcatgac 540
    cgatcccaag ctcatcattt ggagccctgt gcgcgcctca gatgtggcct ggaactttga 600
    gaagttcctc atagggccgg agggagagcc cttccgacgc tacagccgca ctttcccaac 660
30  catcaacatt gagcctgaca tcaagcgctt ccttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
    tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
    caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccttcac tgcagagcct 840
    tgcctttccc ctctgcctgt ttctttttcc tctcccaacc ctctggttgg tgattcaact 900
    tgggctccaa gacttgggta agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttcctaaacc 960
35  ctcatgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaa1020
    taaagggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1065
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50

```
ggactgcggt cgtagtctc cggcgagttg ttgcctgggc tggacgtggt tttgtctgct 60
gcgcccgcctc ttgcgcctct cgtttcattt tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaal20
gcagatctac tactcggaca agtacttcga cgaacactac gagtaccggc atgttatgtt180
acccagagaa ctttccaaac aagtacctaa aactcatctg atgtctgaag aggagtggag240
gagacttggt gtccaacaga gtctaggctg gggtcattac atgattcatg agccagaacc300
acatatctct ctcttttagac gacctcttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg360
ggatcgtcaa atctttttca aatttaaatgt atatgtgtat ataaggtagt attcagtga420
tacttgagaa atgtacaaat ctttcatcca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc480
aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaagt540
tcttccagtc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagttt actgaaacag tttacttttg600
ttcaataaag tttgtatggt gcatttaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

45
50

```
ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gctccttccg 60
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtaacc 120
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtccctggagc accctgaaga ctcaagacca 180
aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
ctgctatgac gggtacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaaag tgaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgctcca acccgggcat 420
ccccattggc acaaggaagg tgggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
ctgcagccgg gggcttaccg tgcgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aaggtggctc 540
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaga ctcttcatg tacgacaccc ctcaagaggt 600
```



```

ggccgaagct ttccctgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgctctg gacccttcag gctccatgaa 720
catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttaa ggtgtgaagc caagatatgg 840
5 tctagtgaac tatgccacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
gtcagggact aacaccaaga aggccctcca ggcagtgtac agcatgatga gctggccaga1020
tgacgtccct cctgaaggct ggaaccgcac ccgccatgtc atcatcctca tgactgatgg1080
attgcacaac atgggcgggg acccaattac tgtcattgat gagatccggg acttgctata1140
10 cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttgggg1200
cgggcctttg gtgaaccaag tgaacatcaa tgctttggct tccaagaaag acaatgagca1260
acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctggaagat gttttctacc aaatgatcga1320
tgaaagccag tctctgagtc tctgtggcat ggtttgggaa cacaggaagg gtaccgatta1380
ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc ccttcaaagg gacacgagag1440
15 ctgtatgggg gctgtgtgtg ctgagtactt tgtgtctgaca gcagcacatt gtttactgt1500
ggatgacaag gaacactcaa tcaaggtcag cgtaggaggg gagaagcggg acctggagat1560
agaagtagtc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc1620
tgaattttat gactatgacg ttgccctgat caagctcaag aataagctga aatatggcca1680
gactatcagg cccatttgcg tccccctgcac cgaggggaaca actcgagctt tgaggcttcc1740
20 tccaactacc acttgccagc aacaaaaggga agagctgctc cccgcagaag agcaaagaaa1800
gctgtgtttg tccgggggga gaaaaaaacc gccccggggg gg 1842

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

```

ggcgggtata aaagccccac ccaggccagc cggctctgct cagcatttgg ggacgctctc 60
agctctcggc gcacggccca gcttccttca aaatgtctac tggtcacgaa atcctgtgca 120
50 agctcagctt ggagggtgat cactctacac cccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180
atactaactt tgatgctgag cgggatgctt tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240
gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcattcagca ctgaagtcag 360
ccttatcttg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
55 acgcttctga gctaaaagct tccatgaagg ggctgggaac cgacaggagc tctctcattg 480
agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540

```

```

5  tgtacaagac tgatctggag aaggacatta tttcggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
   tgatggttgc cctggcaaag ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
   tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720
   ttcccaagtg gatcagcatc atgaccgagc ggaggggccc cacctccaga aagtatttga 780
   taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttggaaagc atcaggaaag aggttaaagg 840
   agacctgga aatgctttcc tgaacctggt tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtattt 900
   tgctgatcgg ctgtatgact ccatgaaggg caaggggacg cgagataagg tcctgatcag 960
   aatcatggtc tcccgcagtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa1020
   gtacggcaag tccctgtact attatatcca gcaagacact aagggcgact accagaaagc1080
10 gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccgaca cggcctgagc gtccagaaat1140
   ggtgctcacc atgcttccag ctaacaggtc tagaaaacca gcttgcgat aacagtcccc1200
   gtggccatcc ctgtgagggg gacgttagca ttaccccaa cctcatttta gttgcctaag1260
   cattgcctgg ccttcctgtc tagtctctcc tgtaagccaa agaaatgaac attccaaggal320
   gttggaagtg aagtctatga tgtgaaacac tttgcctcct gtgtactgtg tcataaacag1380
15 atgaataaac tgaatttgta ctttagaaac acgtactttg tggccctgct ttcaactgaal440
   ttgtttgaaa attaaacgtg cttgggggtc agctggtgag gctgtccctg taggaagaaa1500
   gctctgggac tgagctgtac agtatggtt cccctatcca agtgtcgcta ttttaagttaa1560
   atttaaataa aataaaataa aataaaatca aaaaaa 1596

```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1033 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

45 gtcgcagctg accctcgctc ccgccccgcg ctggagtcgg acgtggaagt tgctggctga 60
   ctgggcttgc gaggaaaccg cctcggagct gcagccgaag gcaaggaatc actgaagatc 120
   ggcgagggag gacagggggg tcatcatggg tggctttttc tcaagtatat tttccagtct 180
   gtttggaact cgggaaatga gaattttaat tttgggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
   aattttgtac agattacaag tgggagaagt tgttactact atacctacca ttggatttaa 300
   tgtagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
50 aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
   agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttagttg ccatgttggg 480
   ggaagaagag ctgagaaaag ccatttttagt ggtgtttgca aataaacagg acatggaaca 540
   ggccatgact tcctcagaga tggcaaattc acttgggtta cctgccttga aggaccgaaa 600
   atggcagata ttcaaaacgt cagcaaccaa aggcaccggc cttgatgagg caatggaatg 660
55 gttagttgaa acattaaaaa gcagacagta attcagtcca ttcttctccc ctgaaatgaa 720
   gactacatca cctctctccc tttggaaaca gtcaagtgtg cttcacacta ctagatgtta 780

```

aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaaaa 840
taagtattta gttggagga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900
atattctttt cttgctttct tgtgttaagg tatatatctt atttgtagg aattcttatt 960
caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa1020
5 aaaaaaaaaa aaa 1033

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

ICLLVHFVSR AKTVNLTFYS WWVITENKDL FSCSLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60
25 TPVCL 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

45 ISVFRLEFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNH SVSSIIVVRD NIAISGMLQA60
FKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60
T 61

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

35

LKNTNEVKAL NWYTLFTPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPRLP60
SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPCK SLDFVFYKNS60
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDITYFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHTYKTTS60
LDTMCLPTIS SLNNFHQLRC LV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60
EWNQKNVVSU 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
T 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 423 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

5 LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60
LKSLFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEEV LRKRFETTAV120
NTLFCSTQO RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180
SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240
RLLEKYPQAI YTLCSSEALN MWLAKSVPM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLLELDNVI300
AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINSMT NIRWNNYIAG360
10 RAFVLCASVS DFDIVTIVV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420
GKY 423

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

15 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

30 VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFERRAHQGNL ESQLTSESY KETLSVPTVE 60
HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTSEEH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120
WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180
KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFDIKHDL LMVDYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSIGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLFYKEI60
LPLFLVNKLK GTDVGLEQGL SGGECSWA 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

EEERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQROQKEE60
QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFICK QHTRKAELRN60
ADVYGKKEQK M 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

10 SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTTRG LLYCSTFSAL YFLAEASPWS60
AMYKLG Y 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

30 RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSANTGL IVSLEKELAP120

LFEELRQVVE VS

132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

20

QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60
NFLYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120
APGSTF 126

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSPEL EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFCGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120
45 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSGV QT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQGKPMa QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTGRWKY SSNDESESG 60
SEKSSAASEE EEEKESEEA LADDDEPCKK CGLPNHPELI LLCDSGDSGY HTACLRPPLM120
IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLVD ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180
PDFSEDQEEK KKDSKSKKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEAIIDEAIED DIKEADGGGV240
GRGKDISTI GHRGKDISTI LDEKIIT 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

5 SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMAS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISF LSVFCKAVDS180
SSTSS 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 10 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KRQPTSAMKD PSRSSTSPSI INEDVIINGH SHEDDNPF AE YMMENEEEF NRQIEEELWE 60
EEFIERCFQE MLEEEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVIDGSSLE DLVVKSNLNP120
NAKEFVPGVK YGNI 134

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- 35 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

50 HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60
EPLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120
SFSIHMYAN GLSSS 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFLTKA WYYRVGFRFF RGGLEDFDFF FFYVIFGKTH SELYLVST 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

20

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIIYLKC60
L 61

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

5

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

10

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

25

KRDIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHI GWRRKP 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

30

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

45

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVWLERLGHG 60
RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSPP DASASGPRGG120
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

15 LPVAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRI GVARVSSPAG RRDRVCGGGL60
GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 214 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

35 PGSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60
SVESMDWDSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120
PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180
40 KVYYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

5

PNFYRGFIEN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFERSGLNRM LEPRLDSDTL60
RF 62

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WVKTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60
KGKKKNLHGL VSLTKHVAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

SLISRKIKQ NTSPARLTCV YIIYKQRATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60
LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

PSIDLEAEES QRLLKVVWVF SFKKLLFLES RIYGYNVCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60
KREKGKGKRK RRGE 75

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILYITSHE FLPLVTIQML PSATIIQIAQP60
FYVHNSLL 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

45

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

LFFLFERYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60
KTIHEE 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

TRLKGDRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60
ISEPRFKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120
FDPELNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 439 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

KSLLFTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRV 60
KDCSMAALTS HLQNSNNNSN WNLRTSKCK KDVFMPPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLK120
EDEGVDDVNF RKVRKPKGV TILKGPIKK TKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180

EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCS EQKTSGIINK240
FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFKKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360
ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSEAVA RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420
EYLTKQWKYP IELHGIGAP 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

DCGKVQTMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

15 AD SHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60
TLWLANHMSV LKVERLSNPP IPREFQSVDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

20 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

35 NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEIICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

40 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

5 KTEFGAQLGR HPGTSLAVI SGSHKFVFAS QQSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60
FFHKKCIFLL PALSAERHYG QIQRQRLSGH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

25 AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPPIYA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

30 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

45 VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60
PLPQSHQPAR GAD 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

15 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILEFDV120
VVFLFVYFLP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

20

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGHPFL AKFLKLNPLV60
RV 62

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

5 AVYCILHQQK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60
EAEEEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPEWCLD DWHPSEKAMY PDYFAKREQW120
KKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWWYIVTRPR ERPM 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

10

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

PLVPSFPSAV SSTVLWSQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADVVCNI R 131

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

50 LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

KVLRKCLKGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDSDGERED SAAERARQQL 60
EALLNKTMRI RMTDGRTLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPDSFSAGE PRVLGLAMVP120
GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

40

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60
LQSRVQQRKQ PTSVRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPESPA LELL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RLSRLTEPKE DPMAGISTAE HHLDPATAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGGET RGCGRQERKA60
ERRVCKNAKV TFPIVGGKCQ RHWFCCHRQS EHLEL 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60
LVSFPSSAKR PWNLNGGCFA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTPG AQTACGSRTS120
30 AFGIFLPQWG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
35 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

50 TAPCCRCPPAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60
TSPGRTSQIQ VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120
YLRTVSAP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLPF SLFSLRSLFQ60
FPSDLPLVPL ESQRL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

LGDSESMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYQMF SAQHWVLSST TENPEEKGRC60
FP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

10 PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60
QTLRSRWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

15 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

30 GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGIAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60
LRRMKKLYIN RD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

35

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLO GAGLQQAKNA AYSVSLPPGC VGHLPWHLRL 60
HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPSP120

GCYRY

125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 5 (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

20

RGRDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGC RN GLKSKYYRLC 60
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180
25 SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 30 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

45

AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVLHLAD EDRESEHEGH RGHNPCCGHR F 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 50 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

EIYWETDYNH SGTIDAHEMR TALRKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60
LETFLFKLFS LDEDKDG MVQ LSLAEWLCCV LV 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60
PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

5 KTTIHGPCQN HLPPPHCFK RPGLTSKGD IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQGFQG60
SGWHESLSLP SCSFMTNVPR TQ 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

25 RPPPSRSSL AGQTNTQHS SARES 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 30 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

45 TMPSSLSSRR LNSLKRVSRR IIQATKLSKL MPSLLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60
ISWASMVPEW L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLEGGFFSC VSVFFSFDLS NFSISAISGL60
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60
VSTYRISR SQ PYRVCQTWLR RKSKARRTST SDSSRLAAV A 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPSSQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLA AH ASLRFACLLL LFNRFGRQW IFLLRLCLLQ 60
FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

GLTDQYLELN ALQEELGPGF LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVPNFQ 60
25 LFEKGDVNGE KEQKFYTFKL NSCPPTAELL GSPGRLEWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDGI120
PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- 30 (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

45

LMPPPYPYPL PIMQGPRRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60
PSVCMATQPR ICLLETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120
WGQHLPHAHT THHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180
EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRDTP PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240
50 KKKRKKKKK 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

15

AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60
SSGPVGGRRR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120
EGQEGEGQEE GGSPLKGPQ GSNLPLCLR VPTTWS 156

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHSSS 60
DSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KKPVKKKKEK GKKEKGKKKE APH 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

5

GGPPPPKHL S SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLL LLLALLLLH FGLLGLARDA 60
LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAGVGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFVGTE LGISPVARPH120
TGLLGGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTCAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60
KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120
30 NQKKEKKEKK KKR SFGQMG RRHNL 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

35

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

50

PALSHLPRHQ INRKKRKRRR KKDP SKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60
LKKTAVKTVW VEGLS EDGFT YYYNTETGES RWEKPDDFIP HTSDLPSSKV NENSLGTLDE120
SKSSDSHSDS DGEQEAEEGG VSTETEKPKI KFKEKNKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180
SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFK240

KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT

262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

20 GKGRRKGIK VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVRNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60
REEKKILQR ADG 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

40 IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60
KGNEVMIQ 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- 45 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

10 SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDDNN NAGSGQQSVS VNNEHNVANV 60
DNNNGWDSWN SIWDYGNNGFA ATRLFQKKTC IVHKMNKEVM PSIQSLDALV KEKKLQGKGP120
GGPPPKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIANM CRGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCYTTSVL180
WIVDISFCGD TVEN 194

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHFVHN ACLLLKESGC SKAISIIPDG60
IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLFPEFMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60
LLLLALVAGE VLQDHLRLALQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 5 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSLMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLLCLAE KPLAFFFFSL 60
RLWRVKYSRT TALRCSWSSR ACGLMRGVCA SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120
RSHSSFSDRF RRSLMT 136

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- 30 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

45 TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYYFSDK IQMPLLCGY Y RNPSTGNKAH 60
FQNYHQRRPP ESYPOAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- 50 (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQRKAV VLEYFTRHKKR KEKKKKKAKGF 60
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLC SG LKPDTPQPMI QAKLLKADLH120
15 GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180
GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

PTRPVAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRL L SFNVP HIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60
PLLSVKELRD MGITLHLLH SDRDPIPDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120
FISAISRSL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFILE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180
RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGT AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240
40 NSLFTGDTLG AGQFSFQRL LVLVDNRIDL ATPLHHTWTY QALVHDVLDL HLN RVNLEES300
SGVENSPAGA RPKRKNKKS Y DLTPVDKFWQ KHKGSPFPEV AESVQQELES YRAQEDEVKR360
LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTS AVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420
LDVYFEYEEK IMSKTTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480
KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540
45 LVLKQQNL PV TRILDNL MEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRKNP FQEAI VFVVG600
GGNYIEYQNL VDYIKGKQ GK HILYGCSELF NATQFIKQLS QL GQK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAAL LVVDREVPVA AGKLPFSRMP ICEHMOVESPT 60
CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKDGC C 101

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

35

QLGWIFYFMS YPLHAHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60
SPSPVQTRLD IWEQVGDMST CSQMGILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120
ILG 123

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

40

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60
ITVASTS 67

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

TIISITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKG LQEVAEQLEL ERIGPQHAG 60
SDSLLTGMAF FKMREMFED HIDDAKYCGH LYGLGSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

15 PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRTVNP 60
IYTRKRSINI FYLLIPSCRT RLILWIIYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120
LRCHSYKPP ISHPIYWNNP SRMNLRLLS RQSHLDPIRL FPLHLTIYYR GPSNRSPPLP180
PRNRIKQPNR IKLRCL 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLFTAICA 60
LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLGINQP HLAFLHICHT AFFKAILFIC SGSIIHSLAD120
EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIIEAINTC NTNA 174

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

45 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

FLKTTALIIS VLGFLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60
SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQGGLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120
NLE 123

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

NMLLAEVRIS MVIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60
ILSSIEFMVT QCQVVIYSI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVVYSGKLMC LIRFDIEIRI120
GDSRRMKIK 129

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

35

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VPAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60
EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

5 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

20 SMMLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60
TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120
TS 122

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

30 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

45 TSTTVFFFPF HSLPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60
RK 62

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

50 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMLSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFLR GLAECVNIID60
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMV 99

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

GELQKSSHYH PPELFEMIFF VHFGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60
LCL 63

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSFQ ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60
YGGI 64

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 10 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

25 PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDSAILEVL60
HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- 30 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

45 ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIAD IKKMAKQGQM 60
DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120
LKLPIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

15 RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSEFCRS RSSSRMARFR ALWFCRSSSS 60
GVFRRPNRS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

20 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

35 KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCPLKL HHDLLDLGQL QLSVHGAGHL GDTLHGLCHR 60
VVGLECLDLE GHSLDVGPHQ YKLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

5 KTKRSVKDAA KKGQKDVCI V LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60
SLQKSTEV MK AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEEEAE120
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EGEEEEALEA MQSRLATLRS180

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

LMPFQSQNLQ ERWLPQMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FEGESVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKK K 111

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFP 60
50 EEHRSDGEGA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VEVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

KARRRGTMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120
15 KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLLR 60
LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAGPWRR RRTSGVQORTE KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120
35 TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

5

RRLEVSyrQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YR 132

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

30 LFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVMDI PAFSKPPSSF 60
LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120
LGPRGRKNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCKTSFE 159

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

50

ATLPDALPPA TKFFLKAFFD SLPSPIQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60
NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

5 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

20 AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKDVFHMOVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGG PENEFAFNAE240
FKDKDEAIDI IKSTHDHWKA LVTCKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

45 TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRACAL CLRPSTQPNT TYLRKPGGRK RAVGHKSPAE60
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DPGPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VERSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60
DMLYSAGSRV SGRVRRDLGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKRTVQSN120
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

SKGCSITETV TVDPGSIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRFV VTTSVKGPLN 60
LRVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRR GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120
STFLCWQIC FQIDF 135

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

15 SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60
ATGQVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIIPLNFICC120
CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWNGAS YSVNFSSFTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180
ILTILSHGI 189

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

40 KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRLRGHG 60
EDEQILVLDL PTDLKFKGPF TDVVTNLKL RNPSDRKVCF KVKTTAPRRY CVRPNSGIID120
PGSTVTVSVM LQPFDYDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRV180
FEMPENNDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240
SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNTSPLP SLLVVIAAIF IGFFLGKFIL300

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

10 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESPKEYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEVSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFPALA 247

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

35 FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60
DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 220 Aminosäuren
40 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PGRGSMYDRM RRGGDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60
 ASSGFHGGHF VHMRLPFRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120
 5 AVAAMSKDKN NMQHRYIELF LNSTPGGGSG MGGSGMGGYG RDGMDNQGGY GSVGRMGGMN180
 NYSGGYGTDP GLGGYGRGGG GSGGYYGQGG MSGGGWGRMY 220

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1105 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

AATGAGCCTG GTGTTAGATG AGTTTTACAG CTCCTCAGG GTGGTGGGTG TCTCTGCTGT 60
 TCTGGGTACT GGATTAGATG AACTCTTTGT GCAAGTTACC AGTGCTGCCG AAGAATATGA 120
 35 AAGGGAGTAT CGTCCTGAAT ATGAACGTCT GAAAAAATCA CTGGCCAACG CAGAGAGCCA 180
 ACAGCAGAGA GAACAACCTG AACGCCTTCG AAAAGATATG GGTCTGTAG CTTGGATGC 240
 AGGGACTCCC AAAGACAGCT TATCTCCTGT GCTGCACCTT TCTGATTTGA TCCTGACTCG 300
 ACCAACATTG GAAGCAGACA GCGATACTGA TGACATTGAC CACAGAGTTA CAGAGGAAAG 360
 CCATGAAGAG CCAGCATTCC AGAATTTTAT GCAAGAATCG ATGGCACAAT ACTGGAAGAG 420
 40 AAACAATAAA TAGGAGACTT TAGCACACTT CACTTGTTTC TAGAAGTCCA GAATTTTGGA 480
 CCTCCACGTG AAAGAAGTGT TCTTACCTCT GAACTGGGGG CTCCCATAGG GGATAATTTT 540
 CCTCAGAGTA GCAAAGTTTC TCTTATTAGA GAAATCTTGT GACTCAGATG AAGTCAGGGA 600
 TAGAAGACCC TTGGACCTGG CAGGTTAATG CTGATTATTC CTGGCCTTT CCCTTGTATT 660
 TATGCAAGGA AGGATATACT GAGCTGATAC TCTTCCAAGC CTACAACCTC AAGTTTTATC 720
 45 ATTTGAAGTC AAGTACTTTT GCTGCTGAGG AATGGAATCA AAAGAACGTA GTCTCCTGGT 780
 AACCACCTCA GATCTCTATT ATTAGGCTAG ATGTATAGCC TCTACTCCCC CAGCTTCTTG 840
 CTCTTGACCC TGCACTGTAA GTTGCCCTTC TATTAGCAGC CAAGGAAAAG GGAAACATGA 900
 GCTTATCCAG AACGGTGGCA GAGTCTCCTT GGCAATCAAC CAACGTTGCT ATGAAATATG 960
 CCTCACACTG TATAGCTCAT TATAGGACGT CAGGTTTGTG GAAAAAAGTG GGCAAGACAT1020
 50 GATTAATGAA TCAGAATCCT GTTTCATTGG TGACTTGGAT AAAGACTTTT TAATTTTAAA1080
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAA 1105

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1088 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

20

```
ATTCCAAACA TGGCGGCTCC ACTAGGGGGT ATGTTTTCTG GGCAGCCACC CGGTCCCCCT 60
CAGGCCCCGC CGGGCCTTCC GGGCCAAGCT TCGCTTCTTC AGGCAGCTCC AGGCGCTCCT 120
AGACCTTCCA GCAGTACTTT GGTGGACGAG TTGGAGTCAT CTTTCGAGGC TTGCTTTGCA 180
25 TCTCTGGTGA GTCAGGACTA TGTCAATGGC ACCGATCAGG AAGAAATTCG AACCGGTGTT 240
GATCAGTGTA TCCAGAAGTT TCTGGATATT GCAAGACAGA CAGAATGTTT TTTCTTACAA 300
AAAAGATTGC AGTTATCTGT CCAGAAACCA GAGCAAGTTA TCAAAGAGGA TGTGTCAGAA 360
CTAAGGAATG AATTACAGCG GAAAGATGCA CTAGTCCAGA AGCACTTGAC AAAGCTGAGG 420
CATTGGCAGC AGGTGCTGGA GGACATCAAC GTGCAGCACA AAAAGCCCCG CGACATCCCT 480
30 CAGGGCTCCT TGGCCTACCT GGAGCAGGCA TCTGCCAACA TCCCTGCACC TCTGAAGCCA 540
ACGTGAGCAA AGGGCAGAGG CAGTTGGCCT ATGAGTGGGC TGATGCGTGA GGTGGGCCAC 600
ACATTCCTTC CTGTGGACTT GACATTTTGG AAGAACTCTT TGCCAGATAA TGAGTTCATT 660
TTAGTTTTAT GCTCCCATTT AAAAATTTTC CACTATTTTT ATAAGCTGTT AATTTCTTGA 720
GTACTTTTATA ACATGTCTGT AGCTTGGATA AACCAAGTAA GTATTTTTTT TTTGTCTTTA 780
35 GCGAAGTTTA GACTGTGAAT ATGATGACAC AGATTCTTTT TTATGGTGGC TTTGCTTGTT 840
TTAAATTTTT GCATGACTTT TCATCTTTTT ATGTGTGTTT CCTGTAGTTT GATCCGAAGG 900
AAAAGAGTAT AGTAGCCTGA GAATCAGGAG ATGGGAGTTT TAGTCGTAGG CCTTATGATA 960
ATTACCCCGC GGTGGTGTGT AGAAAAGTAT GTAAATTTGC TCTGTTTTAA GACTTTGAAC1020
TACCTCAAGA AGAGGAATCT AATACAATAT TTGTAATGTT AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1080
40 AAAAAAAA 1088
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
45 (A) LÄNGE: 3292 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

```
ATGCCGAAGT TCTGCGCTGC CCCCAACTGC ACGCGGAAGA GCACGCAGTC CGACTTGGCC 60
TTCTTCAGGT TCCCGCGGGA CCCTGCCAGA TGCCAGAAGT GGGTGGAGAA CTGTAGGAGA 120
GCAGACTTAG AAGATAAAAC ACCTGATCAG CTAAATAAAC ATTATCGATT ATGTGCCAAA 180
CATTTTGAGA CCTCTATGAT CTGTAGAACT AGTCCTTATA GGACAGTTCT TCGAGATAAT 240
GCAATACCAA CAATATTTGA TCTTACCAGT CATTTGAACA ACCCACATAG TAGACACAGA 300
AAACGAATAA AAGAACTGAG TGAAGATGAA ATCAGGACAC TGAAACAGAA AAAAATTGAT 360
GAAACTTCTG AGCAGGAACA AAAACATAAA GAAACCAACA ATAGCAATGC TCAGAACCCC 420
AGCGAAGAAG AGGGTGAAGG GCAAGATGAG GACATTTTAC CTCTAACCCCT TGAAGAGAAG 480
GAAAACAAAG AATACCTAAA ATCTCTATTT GAAATCTTGA TTCTGATGGG AAAGCAAAAC 540
ATACCTCTGG ATGGACATGA GGCTGATGAA ATCCCGAAG GTCTCTTTAC TCCAGATAAC 600
TTTCAGGCAC TGCTGGAGTG TCGGATAAAT TCTGGTGAAG AGGTTCTGAG AAAGCGGTTT 660
GAGACAACAG CAGTTAACAC GTTGTTTTGT TCAGGAGGCA AGCAGAGGCA GATGCTAGAG 720
ATCTGTGAGA GCTGTATTCT AGAAGAAACT CTCAGGGAAG TGAGAGACTC ACACCTCTTT 780
TCCATTATCA CTGACGATGT AGTGGACATA GCAGGGGAAG AGCACCTACC TGTGTTGGTG 840
AGGTTTGTG ATGAATCTCA TAACCTAAGA GAGGAATTTA TAGGCTTCCT GCCTTATGAA 900
GCCGATGCAG AAATTTTGGC TGTGAAATTT CACACTATGA TAACTGAGAA GTGGGGATTA 960
AATATGGAGT ATTGTCGTGG CCAGGCTTAC ATTGTCTCTA GTGGATTTTC TTCCAAAATG1020
AAAGTTGTTG CTTCTAGACT TTTAGAGAAA TATCCCAAG CTATCTACAC ACTCTGCTCT1080
TCCTGTGCCT TAAATATGTG GTTGGCAAAA TCAGTACCTG TTATGGGAGT ATCTGTTGCA1140
TTAGGAACAA TTGAGGAAGT TTGTTCTTTT TTCCATCNGA TCACCACAAC CTCTTTTAGA1200
ACTTGACAAC GTAATTGCTG TTCTTTTTC GAACAGTAAA GAAAGGGGTA AAGAACTGAA1260
GGAAATCTGC CATTCTCAGT GGACAGGCAG GCATGATGCT TTTGAAATTT TAGTGGAACT1320
CCTGCAAGCA CTTGTTTTAT GTTTAGATGG TATAAATAGT GACACAAATA TTAGNATGGG1380
AATAACTATA TAGCTGGCCG AGCATTNNGT ACTCTGCAGT GCAGTGTCAG ATTTTGATTT1440
CATTTGTTACT ATTGTTGTTT TTAATAATGT CCTATCTTTT ACAAGAGCCT TTGGGAAAAA1500
CCTNCCANGG GGCAAACTC GTGATGTCTT CTTTGGCGCC GGTAGCTTGA CTNGCAGTAC1560
TGNNCATTCA CNTCAACGAA GTGAGTGGGA AAATATTNGA AGTTTATCAT GAATTTGGT1620
TTGAGGAAGC CACAAATTTG GCAACCAAAAC TTGATATTCA AATGAAACTC CCTGGGAAAT1680
TCCGCAGAGC TCACCNNAGG GTAACCTGGA ATCTCAGCTA ACNCTCTGAG AGTTACTATA1740
AAGAAACCCN TAAGTGTCCT AACAGTGGAG CACATTATTC AGGAACTTAA AGATATATTC1800
TCAGAACAGC ACCTCAAAGC TCTTAAATGC TTATCTCTGG TACCCTCAGT CATGGGACAA1860
CTCAAATTCA ATACGNTCNG GAGGAACACC ATGCTGACAT GTATAGAAGT GACTTACCCA1920
ATCCTGACAG GCTGTCAGT GAGCTTCATT GTTGGAGAAT CAAATGGAAA CACAGGGGGA1980
AAGATATAGA GCTTCCGTCC ACCATCTATG AAGCCCTCCA CCTGCCTGAC ATCAAGTTT2040
TTCCTAATGT GTATGCATTG CTGAAGGTCC TGTGTATTCT TCCTGTGATG AAGTTGAGA2100
ATGAGCGGTA TGAAATGGN ACGAAAGCGT CTTTAAAGCA TATTTGAGGG AACACTTTGA2160
CAGACCCAAA GGTCAAGTAA CTTGGCTTTT GCTTTAACAT AAATTTTGGG TATTTAAACA2220
CGACCTGGAT TTAATGGTGG ACACATATAT TAACTCTAT ACAAGTAAGT CAGAGCTTCC2280
TACAGATAAT TCCGAAACTG TGGNAAAATA CCTAAGAGAC TTTTAAAAAT AGGCTTTCTT2340
ATATTTGATA TTTGGAAGAA AAAGCCGTAA GGTGTATGTA GACCACTTAA TCACTAAATA2400
TCTTTGCCTA TAGGACTCCA TTGAATACAT TAGCCATTGA TAATCTACCT GTTTAAATGG2460
CCCCGTGTTG AACTCTCAAG CTTTGAAGAC CTACCTGTTT TTCCAGAAGA GAACGTTGAA2520
AGTGCCATGT TTCCNTTTTG CGTGATCTCT CTCTGGAAAT CTCTGGAATT GTTTTCAGTTA2580
AGTCATTTTA GACATAGCAT TTATTATCAC TGTGGNATCT CTACTTGTG GGTGTTATGA2640
ATTCTTTGNA AGNAAATATA TTTTNGAAGA GGTGTGGGNA GGNAAGGAAT ACNATTTTAT2700
NAAAATGTTG TAGTGNAAGN CCCACAATTN GACCTTTNGA CTAATANGGA GTTTTAAGTA2760
TNGTTAAAAA TNCTATACTG GNNACAGNTT ACAAGAAATT ACCGGAGAAA AGCTTGTGAG2820
CTCACCNAAA CAAGGNATTT NCAGTGTAGA TTTTGTCTNT TCTTGAACNT TNAAAGAAAN2880
CAAATGANCA AAGTTTGAAT NGGAAAAGCC TGCTGTTGTT CCNACATCTC NGTTGCTGTT2940
NNTACANTTC CNNNTTTGTG GAGNCCTACN ATCTTNCCTA AGCTTTTNA GCANGGTATA3000
```

TNGTTGAACA CTTCTNGTTT CATGGTTGAG ACAGAATCAG AGGCCATGGA TACTGACAAC3060
 TGATTTGTCT GTTTTTTTTC TCTGTCTTNN TTCCATGACT CTTATATACT GCCTCATCTT3120
 GATTTATAAG CNAAAAACCT GGANAAACCT ANCAAAATAA GTGTTGTGGT TTATCTAGAA3180
 AAATATGGAA AATATTGCTG TTATTTTGG TGAAGAAAAT CNAATTTTGT ATAGTTTATT3240
 5 TCAATCTAAA TAAAATGTGA ATTTTGTTA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 3292

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

30

GGAGAAAAT GCAATAAATT CTGGGACAAT GCCCAGACCT CTGGCATAGA GGAGCCTTCT 60
 GAGACAAAGG GTTCTATGCA AAAAAGCAAA TTCAAATATA AGTTGGTTCC TGAAGAAGAA 120
 ACCACTGCCT CAGAAAATAC AGAGATAACC TCTGAAAGGC AGAAAGAGGG CATCAAATTA 180
 35 ACAATCAGGA TATCAAGTCG GAAAAAGAAG CCCGATTCTC CCCCCAAAGT TCTAGAACCA 240
 GAAAACAAGC AAGAGAAGAC AGAAAAGGAA GAGGAGAAAA CAAATGTGGG TCGTACTTTA 300
 AGAAGATCTC CAAGAATATC TAGACCCACT GCAAAAGTGG CTGAGATCAG AGATCAGAAA 360
 GCTGATAAAA AAAAGAGGGGA AGGAGAAGAT GAGGTGGAAG AAGAGTCAAC AGCTTTGCAA 420
 AAAACTGACA AAAAGGAAAT TTTGAAAAAA TCAGAGAAAG ATACAAATTC TAAAGTAAGC 480
 40 AAGGTAAAAC CCAAAGGCAA AGTTCGATGG ACTGGTTCTC GGACACGTGG CAGATGGAAA 540
 TATTCCAGCA ATGATGAAAG TGAAGGGTCT GGCAGTGAAA AATCATCTGC AGCTTCAGAA 600
 GAGGAGGAAG AAAAGGAAAG TGAAGAAGCC ATCCTAGCAG ATGATGATGA ACCATGCAAA 660
 AAATGTGGCC TTCCAAACCA TCCTGAGCTA ATTCTTCTGT GTGACTCTTG CGATAGTGGA 720
 TACCATACTG CCTGCCTTCG CCCTCCTCTG ATGATCATCC CAGATGGAGA ATGGTTCTGC 780
 45 CCACCTTGCC AACATAAACT GCTCTGTGAA AAATTAGAGG AACAGTTGCA GGATTTGGAT 840
 GTTGCCTTAA AGAAGAAAGA GCGTGCCGAA CGAAGAAAAG AACGCTTGGT GTATGTTGGT 900
 ATCAGTATTG AAAACATCAT TCCTCCACAA GAGCCAGACT TTTCTGAAGA TCAAGAAGAA 960
 AAGAAAAAAG ATTCAAAAAA ATCCAAAGCA AACTTGCTTG AAAGGAGGTC AACAAGAACA1020
 AGGAAATGTA TAAGCTACAG ATTTGATGAG TTTGATGAAG CAATTGATGA AGCTATTGAA1080
 50 GATGACATCA AAGAAGCCGA TGGAGGAGGA GTTGGCCGAG GAAAAGATAT CTCCACCATC1140
 ACAGGTCATC GTGGGAAAGA CATCTCTACT ATTTTGGATG AAAAAATAAT AACGGC 1196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

AAGGACGCTT GCCTTTTTTC GGTGCGGGAA GGGGGAAGAA GGTAACCTCC GGTGACGGGG 60
TTGCATCACT TCCTCTCAAG CTTGGGCGTT TGTTTGGTGG GGTTACACGC GGGTTCAACA 120
TGCCTATCGA AAAGTGTTAT TTCTGTTCGG GGCCCATCTA TCCTGGACAC GGCATGATGT 180
25 TCGTCCGCAA CGATTGCAAG GTGTTTCAGAT TTTGCAAATC TAAATGTCAT AAAAAGCTTTA 240
AAAAGAAGCG CAATCCTCGC AAAGTTAGGT GGACCAAAGC ATTCCGGAAA GCAGCTGGTA 300
AAGAGCTTAC AGTGGATAAT TCATTTGAAT TTGAAAAACG TAGAAATGAA CCTATCAAAT 360
ACCAAGCGAGA GCTATGGAAT AAAACTATTG ATGCGATGAA GAGAGTTGAA GAAATCAAAC 420
AGAAGCGCCA AGCTAAATTT ATAATGAACA GATTGAAGAA AAATAAAGAG CTACAGAAAG 480
30 TTCAGGATAT CAAAGAAGTC AAGCAAAACA TCCATCTTAT CCGAGCCCTT CTTGCAGGCA 540
AAGGGAAACA GTTGAAGAG AAAATGGTAC AGCAGTTACA AGAGGATGTG GACATGGAAG 600
ATGCTCCTTA AAAATCTCTG TAACCATTTC TTTTATGTAC ATTTGAAAAT GCCCTTTGGA 660
TACTTGGAAC TGCTAAATTA TTTTATTTTT TACATAAGGT CACTTAAATG AAAAGCGATT 720
AAAAGACATC TTTCTGTCAT TGCCATCTAC ATAATATCAG ATATTACGGA TGTTAGATTG 780
35 CATCTCAGTG TTAAATCTTT ACTGATAGAT GTACTTAAGT AAATCATGAA AATTCTACTT 840
GTAACATATG AAGTGAATTG TGGACGTAAA ATGGTTGTGC TATTTGGATA ATGGCACTAG 900
GCAGCATTTG TATAGTAACT AATGGCAAAA ATTCATGGCT AGTGATGTAT AAAATAAAAT 960
ATTCTTTGCA GTAAATATT CCCTTTGTTA ATGTTATAGA AGGGGGGATA CAAAAAGGAA1020
CTAACAATTT GTATGGCAGT GTCAGATATT TTTATTTTAG TATTTCTGT TTTGGTTTAT1080
40 TTGCATCTTA GAAGAGCATA ATGACATTGT TTGATGAAGC CTAATTATGC TGGACTGTTT1140
TGACCTGGTT TAACCCTTCT GATAGGTAGT TGTGGATGCT GGGGATGAGA ACTGAATAAT1200
CTTTGCCTGG AGTGACACTA CACTCTAGAA TTTCCACTTT GGAGAATACT CAGTTCCAAC1260
TTGTGATTCC TGATAGAACA GACTTTACTT TTCTAGCCCA GCATTGATCT AGAAGCAGAG1320
GAATCCCAGC GCCTTTTAAA AGTTGTTATG TGGTTTTCTT TTAAAAAGCT CCTGTTTTTG1380
45 GAAAGTAGAA TTTATGGGTA CAACGTATGT TCATTATTTG TACATAAAAT AAAACCATT1440
AAAAAGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAC 1467

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 739 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

15

CGGCTCGAGC CCCGCTCAGT CACCCGCAGC AGGCGTGCAG TTTCCCGGCT CTCCGCGCGG 60
CCGGGGAAGG TCAGCGCCGT AATGGCGTTC TTGGCGTCGG GACCCTACCT GACCCATCAG120
CAAAAGGTGT TCGGGCTTTA TAAGCGGGCG CTACGCCACC TCGAGTCGTG GTGCGTCCAG180
20 AGAGACAAAT ACCGATACTT TGCTTGTTTG ATGAGAGCCC GGTTTGAAGA ACATAAGAAT240
GAAAAGGATA TGGCGAAGGC CACCCAGCTG CTGAAGGAGG CCGAGGAAGA ATTCTGGTAC300
CGTCAGCATC CACAGCCATA CATCTTCCCT GACTCTCCTG GGGGCACCTC CTATGAGAGA360
TACGATTGCT ACAAGGTCCC AGAATGGTGC TTAGATGACT GGCATCCTTC TGAGAAGGCA420
ATGTATCCTG ATTACTTTGC CAAGAGAGAA CAGTGGAAGA AACTGCGGAG GGAAAGCTGG480
25 GAACGAGAGG TTAAGCAGCT GCAGGAGGAA ACGCCACCTG GTGGTCCTTT AACTGAAGCT540
TTGCCCCCTG CCCGAAAGGA AGGTGATTG CCCCCACTGT GGTGGTATAT TGTGACCAGA600
CCCCGGGAGC GGCCCATGTA GAAAGAGAGA GACCTCATCT TTCATGCTTG CAAGTGAAAT660
ATGTTACAGA ACATGCACTT GCCCTAATAA AAAATCAGTG AAATGGAAAA AAAAAAAAAA720
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA 739

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2146 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TCCCAGGCC TCTTTTATT TACAGTGATA CCAAACCATC 60
CACTTGCAAA TTCTTTGGTC TCCCATCAGC TGGAAATTAAG TAGGTACTGT GTATCTTTGA 120
GATCATGTAT TTGTCTCCAC CTTGGTGGAT ACAAGAAAGG AAGGCACGAA CAGCTGAAAA 180
5 AGAAGGGTAT CACACCGCTC CAGCTGGAAT CCAGCAGGAA CCTCTGAGCA TGCCACAGCT 240
GAACACTTAA AAGAGGAAAAG AAGGACAGCT GCTCTTCATT TATTTTGAAG GCAAATTCAT 300
TTGAAAGTGC ATAAATGGTC ATCATAAGTC AAACGTATCA ATTAGACCTT CAACCTAGGC 360
TATTTAATAA TACACCACAC TGAAATTATT TGCCAATGAA TCCCAAAGAT TTGGTACAAA 420
TAGTACAATT CGTATTTGCT TTCCTCTTTC CTTTCTTCAG ACAAACACCA AATAAAATGC 480
10 AGGTGAAAGA GATGAACCAC GACTAGAGGC TGACTTAGAA ATTTATGCTG ACTCGATCTA 540
AAAAAAATTA TGTTGGTTAA CGTTAACCTA TCTAAAATCG GGCCCTTTTC GCAAGCCTTT 600
CAAAGGAGGT CAAGTCACAG TCATACAGCT AGAAAAGTCC CTGAAAAAAA GAATTGTTAA 660
GAAGTATAAT AACCTTTTCA AAACCCACAA CGCAGCTTAG TTTTCCTTTA TTTATTTGTG 720
GTCATGAAGA CTATCCCAT TTCTCCATAA AATCCTCCCT CCATACTGCT GCATTATGGC 780
15 ACAAAGACT CTAAGTGCCA CCAGACAGAA GGACCAGAGT TTCCGATTAT AAACAATGAT 840
GCTGGGTAAT GTTTAAATGA GAACATTGGA TATGGATGGT CAGATGAAAG CTCGAGCCGA 900
ATTTCGGCTCG AGCTTTCATC TGACCATCCA TATCCAATGT TCTCATTTAA ACATTACCCA 960
GCATCATTGT TTATAATCAG AAACCTCTGGT CTTTCTGTCT GGTGGCACTT AGAGTCTTTT 1020
GTGCCATAAT GCAGCAGTAT GGAGGGAGGA TTTTATGGAG AAATGGGGAT AGTCTTCATG 1080
20 ACCACAAATA AATAAAGGAA AACTAAGCTG CATTGTGGGT TTTGAAAAGG TTATTATACT 1140
TCTTAACAAT TCTTTTTTCA GGGACTTTTC TAGCTGTATG ACTGTTACTT AAACCTATCTA 1200
AAATAGAGCA TTTTGGTATC TTTTCATCTGA CCATCCATAT CCAATGTTCT CATTTAAACA 1260
TTACCCAGCA TCATTGTTTA TAATCAGAAA CTCTGGTCCT TCTGTCTGGT GGCATTAGA 1320
GTCTTTTGTG CCATAATGCA GCAGTATGGA GGGAGGATTT TATGGAGAAA TGGGGTAGT 1380
25 CTTTCATGACC ACAAATAAAT AAAGGAAAAC TAAGCTGCAT TGTGGGTTTT GAAAAGGTTA 1440
TTATACTTCT TAACAATTCT TTTTTTCAGG GACTTTTCTA GCTGTATGAC TGTTACTTGA 1500
CCTTCTTTGA AAAGCATTCC CAAAATGCTC TATTTTAGAT AGATTAACAT TAACCAACAT 1560
AATTTTTTTT AGATCGAGTC AGCATAAATT TCTAAGTCAG CCTCTAGTCG TGGTTCATCT 1620
CTTTCACCTG CATTTTATTT GGTGTTTGTC TGAAGAAAGG AAAGAGGAAA GCAAAATACGA 1680
30 ATTGTACTAT TTGTACCAA TCTTTGGGAT TCATTGGCAA ATAATTTTCA TGTGGTGTAT 1740
TATTAAATAG AAAAAAAAAA TTTTGTTCCT TAGGTTGAAG GTCTAATTGA TACGTTTGAC 1800
TTATGATGAC CATTTATGCA CTTTCAAATG AATTTGCTTT CAAAATAAAT GAAGAGCAGC 1860
TGTCCTTCTT TCCTCTTTTA AGTGTTTCAGC TGTGGCATGC TCAGAGGTTC CTGCTGGATT 1920
CCAGCTGGAG CGGTGTGATA CCCTTCTTTT TCAGCTGTTT GTGCCTTCCT TTCTTGATATC 1980
35 CACCAAAGTG GAGACAAATA CATGATCTCA AAGATACACA GTACCTACTT AATTCCAGCT 2040
GATGGGAGAC CAAAGAATTT GCAAGTGGAT GGTTTGGTAT CACTGTAAAT AAAAAGAGGG 2100
CCTGGGAATT CTGCGATT CACTCTCTAAA AAAAAAAAAA AAAAAA 2146

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1020 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

5 CAAGTAAATG CAGCACTAGT GGGTGGGATT GAGGCTATGC CCTGGTGCAT AAATAGAGAC 60
TCAGCTGTGC TGGCACACTC AGCGGCTCTG GACCGCATCC TAGCCGCCGA CTCACACAAG 120
GCAGGTGGGT GAGGAAATCC AGAGTTGCCA TGGAGAAAAT TCCAGTGTCA GCATTCTTGC 180
TCCTTGTTGC CCTCTCCTAC ACTCTGGCCA GAGATACCAC AGTCAAACCT GGAGCCAAAA 240
10 AGGACACAAA GGACTCTCGA CCCAACTGC CCCAGACCCT CTCCAGAGGT TGGGGTGACC 300
AACTCATCTG GACTCAGACA TATGAAGAAG CTCTATATAA ATCCAAGACA AGCAACAAAC 360
CCTTGATGAT TATTCATCAC TTGGATGAGT GCCCACACAG TCAAGCTTTA AAGAAAGTGT 420
TTGCTGAAAA TAAAGAAATC CAGAAATTGG CAGAGCAGTT TGTCTCCTC AATCTGGTTT 480
ATGAAACAAC TGACAAACAC CTTTCTCCTG ATGGCCAGTA TGTCCCCAGG ATTATGTTTG 540
15 TTGACCCATC TCTGACAGTT AGAGCCGATA TCACTGGAAG ATATTCAAAC CGTCTCTATG 600
CTTACGAACC TGCAGATACA GCTCTGTTGC TTGACAACAT GAAGAAAGCT CTCAAGTTGC 660
TGAAGACTGA ATTGTAAAGA AAAAAATCT CCAAGCCCTT CTGTCTGTCA GGCTTGAGA 720
CTTGAAACCA GAAGAAGTGT GAGAAGACTG GCTAGTGTGG AAGCATAGTG AACACACTGA 780
TTAGGTTATG GTTTAATGTT ACAACAATA TTTTAAAGA AAAACAAGTT TTAGAAATTT 840
20 GGTTCAGT GTACATGTGT GAAAACAATA TTGTATACTA CCATAGTGAG CCATGATTTT 900
CTAAAAAAA AAATAAATGT TTTGGGGGTG TTCTGTTTTC TCCAAAAAAA AAAAAAAA 960
AAAAAAA AAAAATAATGCC CCCAAGGGGA CGGGTTACAA TTGGGGGGCG 1020

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

50 AATTCGGATC CATGGGCCAC AGTGGATGGC TTGAAATGTG GCTGAGCGCT TCGGACAATT 60
CGGATCCATG NNNNGTGGCC ACCCAAGAC GCGCCCCAGC CCGCCATGGC CCGGATCCTN 120
NCCGGGNNTC CTGCCTTCTG TCCCTGCTCC TGGCCGGNGT TTGTTCCGCC GGGCCGGGGA 180
CAAGAGAAGT CTAAGACAGA CTGCCATGGC GGTNATGAGT GGTACCATCT ACGAGTATGG 240
AGCCCTCACC ATCGATGGGG AGGAATACAT TCCTTTTAAG CAGTATGCAG GCAAAATATAT 300
CCTCTTTGTC AACGTAGCCA GCTACTGAGG TCTGACAGAC CAATACCTTG AACTGAATGC 360
55 ACTACAAGAA GAACCTGGGC CATTTGGCTN TGGTCATTCT GGGCTTCCCT TCCAACCAAT 420
TTGGCAAACA GGAGCCAGGC GAGAACTCGG AGATACTCCC CAGTCTCAAG TATGTTTCGNN 480
ACCAGGTNNG GGGGCTTTGT GNCCTAATTN NNNTCCAGNC TCNTTTGAGA AANNGGANGA 540

5 TNGTNGAACN GGGGAGNAAA GAGCNAGAAA TTCTACACTT TCCTGAAGAA CTCCTGCCCT 600
 CCCACTGCAG NAACTCCTGG GNCTCANCCT GGCCGCNCTC TTTTGGGAAC CCATGAAGAT 660
 CCATGACATN CCGCTGGAAC TTTGAGAACT TCCTGGTNGG GGCCNAGANT GGCATACCGG 720
 TTATGCGCTG GTACCACCGG ACCACAGTCN AGCAACGTCN AAGATGGACA TCCTGNTCNT 780
 TACATGAGGC GGCAGGCANG CCCTGANGCG CCNAGGGGGN AAGTAACTGA NTGCCCNNNC 840
 CACCCTACCC CTACCCCCTG CCCATCATNG CAAGGGCCGA NGGAGGGGCT CTTCNAGGAA 900
 GGAAGCCACA TTCCCAGTCA TTCTNANCCC CCACCCAGA TTCTCTTNC TTNATTACAT 960
 AAAAGACAAG CCNTGGCACA ACTGTGTGTC TGAACCACTG TNGGACACGT GACAATTGTN1020
 CCCAGTGTGT GCATGGCTAC ACAGNCCACG TATCTGCCTG CNTTGAAACC CANGGNGATG1080
 10 GTCCATCNTG TNGTTTACGG NCTTGGCACA ACACCCNNTC ATATTTTTTT CAGCNTTTCT1140
 GTTCCAAANN TGAGNNCCCA AANNGGAAAC ACNAANGTTC TNAGGTCCNA ATNGGTTCTG1200
 CTCAAANCCN TGANACATNC ATTCTNTGGG GNCCANGCAT CNTCCACAT NGCCACACN1260
 TACACACCAC CNAGCCTCCT TCTTCCTTNC CTGNAAGGAC CCNTCCNNNN TGAGCCCCCA1320
 AGCCNCATCC CACAGTGCNT CCTGAGACCA GCCAAGACAA CTGTGAGCGC GATGGCCGTG1380
 15 TANCCCCAGG TNCAGGGGNT GGTGTCTCTA TGAAGGANNG GGNNCCCGNA AGCCCTTGTN1440
 GGGNCGGNGC CTCCCCTGAG CCCNGTCTGT GGTGCCNAGC CCTTAGTGCA TTCAGGCTTA1500
 GGCTCCCNAG GCANGGGACA CTACCCCGCG GCCTCTGGAG GACATGCTAT CCTCTACTC1560
 TGTCCACTGG TATCTCAACA CCCCCTCTG CCCAGTAAAG GTCTTTCTGC AGCAAAAAAA1620
 AAAAAA AAAA AAAA GG 1652

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

45 GGAGTGGCCC TCTGTGAGGG GCTCAAATGG TTGCAATTCA TGGCGCGTTA CGACTTGGCT 60
 CACTTAATCA AATCCCTACC AACTCTAACT TGCCGAAGGA AGAACTTGAC CTCTTGGAGA 120
 ACCCTCGATT GGTTTTTCCT GCCATTTAGA TGTTGAAGTA CCCCATGAAG AGCTGCAAAA 180
 50 ATTCTCAAAG GTGGATTACA GGAGGTGGCA GAACAGTTAG AGCTGGAACG GATAGGACCA 240
 CAACATCAGG CAGGATCTGA TTCATTGCTC ACAGGAATGG CCTTTTTCAA AATGAGAGAA 300
 ATGTTCTTTG AAGATCATAT TGATGATGCC AAATATTGTG GTCATTTGTA TGGCCTTGGT 360
 TCTGGTTCAT CCTATGTACA GAATGGCACA GGAATGCAT ATGAAGAGGA AGCCAACAAG 420
 CAGTCATGAC ATGAAATAGT CCTTTTATTT TTATTTTCGAG CTACACACAT GCTTGTATAT 480
 AGGTTTTATC TCTGGTTGAA TCCCTCGAAC AATAGACAGT ACCTTTCCCC CCCCTTTCAT 540
 55 GGCCCATTTT ATTGTCTGCC TTTCAGTACT AAGTATGACC GTTCCTATCT CAGATCTTAA 600
 TAAAAAGAAA AAAAAAAGC CATTGAGGTT AAATTTGGCC TTAATTTAAT ATACTTGTTA 660
 GCAAGCGTGT GTGACAGAGA GTGGGGAAAG CTACATCATT GAATATTTTG ATAACTTTA 720
 CCGACTTGAG TTTGGTTTAT TTTTCCCTTT TCCTAAATTA ACTAGCACTG ACTGTAATTT 780

ATTTCCCTGT TTCACGTCTC TCCCTTCCAT TCTGCAGGAG TTTTAGCTAT TTGAGATCGT 840
GGACCATCAG TTTTGCACCT TAGAGAGTGT TTCTGACTCT AAACCTGTTT TATCAGAAAA 900
TTTGTTTTTT CTTGATCTTA GCTGGAAAAA TCTGCCAACT TTACACAGTA TTTACTTGGT 960
TTTGACCCAC AGAATATAGC ACGTTGTGCA AACTGTCGAT TCAGCGAAAC TTAAGAAAGA1020
5 CAAGAACTA CTGAGGAGCT TAGTAACTGC TGTTTCTGTA CGTAGTGTGT AATCTTCCAA1080
GCACATCTAG TGTCTGTCAG TTTCTAATTG GCATGTGTAG GCTGCTCTGT GACTGAAGAA1140
TTTTCAAACC AGCTTTACAC CCTTCAGGAA AAATCCCTGT GATTGGATGG TTACTATCTG1200
CCAGGAACTG GTACCCAGAT GTGAAGCACA GTTATTATGA TAGACACTTC CTGAGTGCTA1260
TTGTATCCAC ACCATTACCT TTTTTTTTAA ATTGGAGCCA TCTATGAGCC TGATTGTGGT1320
10 CGCAACCATT GTAAAACCCA GAAAGCCTAG GGATTGGCCA ATAATTGGGG AAATGGTGCA1380
GTGCCAAGGA AATGGGATGG CAAAAGAAG 1409

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

CCCACGCGTC CCGGAAACGG CGGCGGCGGC GACAGGACCG AGGGGCCTTA GTTGGTGGGC 60
AAGTCGGGGA TCCCAGAAAG AGAAGCGTGA CCCGGAAGCG GAAACGGGTG TCCGTCCCAG120
40 CTCCGGCCTG CCAGTGAGCT TCTACCATCA TGGACCTATT GTTCGGGCGC CGGAAGACGC180
CAGAGGAGCT ACTGCGGCAG AACCAGAGGG CCCTGAACCG TGCCATGCGG GAGCTGGACC240
GCGAGCGACA GAAACTAGAG ACCCAGGAGA AGAAAATCAT TGCAGACATT AAGAAGATGG300
CCAAGCAAGG CCAGATGGAT GCTGTTTCGA TCATGGCAAA AGACTTGGTG CGCACCCGGC360
GCTATGTGCG CAAGTTTGTA TTGATGCGGG CCAACATCCA GGCTGTGTCC CTCAAGATCC420
45 AGACACTCAA GTCCAACAAC TCGATGGCAC AAGCCATGAA GGGTGTCAAC AAGGCCATGG480
GCACCATGAA CAGACAGCTG AAGTTGCCCC AGATCCAGAA GATCATGATG GAGTTTGAGC540
GGCAGGCAGA GATCATGGAT ATGAAGGAGG AGATGATGAA TGATGCCATT GATGATCCCA600
TGGGTGATGA GGAAGATGAA GAGGAGAGTG ATGCTGTGGT GTCCCAGGTT CTGGATGAGC660
TGGGACTTAG CCTAACAGAT GAGCTGTCGA ACCTCCCCTC AACTGGGGGC TCGCTTAGTG720
50 TGGCTGCTGG TGGGAAAAAA GCAGAGGCCG CAGCCTCAGC CCTAGCTGAT GCTGATGCAG780
ACCTGGAGGA ACGGCTTAAG AACCTGCGGA GGGACTGAGT GCCCCTGCCA CTCCGAGATA840
ACCAGTGGAT GCCCAGGATC TTTTACCACA ACCCTCTGT AATAAAAGAG ATTTGACACT900

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

```
GGGCCCCGCC CAGGCGGCTG CCCGTGACCT GCCTGGGCGC GGGGAAGTGA AAGCCGGAAG 60
GGGCAAGACG GGTTTCAGTTC GTCATGGGGC TGTTTGGAAA GACCCAGGAG AAGCCGCCCA 120
AAGAACTGGT CAATGAGTGG TCATTGAAGA TAAGAAAGGA AATGAGAGTT GTTGACAGGC 180
25 AAATAAGGGA TATCCAAAGA GAAGAAGAAA AAGTGAAACG ATCTGTGAAA GATGCTGCCA 240
AGAAGGGCCA GAAGGATGTC TGCATAGTTC TGGCCAAGGA GATGATCAGG TCAAGGAAGG 300
CTGTGAGCAA GCTGTATGCA TCCAAAGCAC ACATGAACTC AGTGCTCATG GGGATGAAGA 360
ACCAGCTCGC GGTCTTGCGA GTGGCTGGTT CCCTGCAGAA GAGCACAGAA GTGATGAAGG 420
CCATGCAAAG TCTTGTGAAG ATTCCAGAGA TTCAGGCCAC CATGAGGGAG TTGTCCAAAG 480
30 AAATGATGAA GGCTGGGATC ATAGAGGAGA TGTTAGAGGA CACTTTTGAA AGCATGGACG 540
ATCAGGAAGA AATGGAGGAA GAAGCAGAAA TGGAAATTGA CAGAATTCTC TTTGAAATTA 600
CAGCAGGGGC CTTGGGCAAA GCACCCAGTA AAGTGACTGA TGCCCTTCCA GAGCCAGAAC 660
CTCCAGGAGC GATGGCTGCC TCAGAGGATG AGGGGGAGGA GGAAGAGGCT CTGGAGGCCA 720
TGCAGTCCC GCTGGCCACA CTCCGCAGCT AGGGGCTGCC TACCCCGCTG GGTGTGCACA 780
35 CACTCCTCTC AAGAGCTGCC ATTTTATGTG TCTCTTGAC TACACCTCTG TTGTGAGGAC 840
TACCATTTTG GAGAAGGTTT TTTTGTCTC TTTTCATTCT CTGCCCAGGT TTTGGGATCG 900
CAAAGGGATT GTTCTTATAA AAGTGGCATA AATAAATGCA TCATTTTATG GAGTATAGAC 960
AGATATATCT TATTGTGGGG AGGGGAAAGA AATCCATCTG CTCATGAAGC ACTTCTGAAA1020
ATATAGGTGA TTGCCTGAAT GTCGAAGACT CTACTTTTGT CTATAAAACA CTATATAAAT1080
40 GAATTTTAAAT AAATTTTTCG TTTAGCACTT GGCCCCATTG TAGATTGCCC TGTGCAGTAA1140
ACTTT
```

1145

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1836 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

```

15 GTTGCACAT  GCACTGCGCC  GGAGGAACTG  TGCTCTTTGA  GGCCGACGCT  AGGGGCCCGG  60
   AAGGGAAACT  GCGAGGCGAA  GGTGACCGGG  GACCGAGCAT  TTCAGATCTG  CTCGGTAGAC  120
   CTGGTGACAC  ACCACCATGT  TGGCTGCAAG  GCTGGTGTGT  CTCCGGACAC  TACCTTCTAG  180
   GGTTTTCCAC  CCAGCTTTCA  CCAAGGCCCTC  CCCTGTTGTG  AAGAATTCCA  TCACGAAGAA  240
   TCAATGGCTG  TTAACACCTA  GCAGGGAATA  TGCCACCAAA  ACAAGAATTG  GGATCCGGCG  300
   TGGGAGAACT  GGCCAAGAAC  TCAAAGAGGC  AGCATTGGAA  CCATCGATGG  AAAAAATATT  360
   TAAAATTGAT  CAGATGGGAA  GATGGTTTGT  TGCTGGAGGG  GCTGCTGTTG  GTCTTGGAGC  420
20  ATTGTGCTAC  TATGGCTTGG  GACTGTCTAA  TGAGATTGGA  GCTATTGAAA  AGGCTGTAAT  480
   TTGGCCTCAG  TATGTCAAGG  ATAGAATTCA  TTCCACCTAT  ATGTACTTAG  CAGGGAGTAT  540
   TGGTTTAACA  GCTTTGTCTG  CCATAGCAAT  CAGCAGAACG  CCTGTTCTCA  TGAACCTCAT  600
   GATGAGAGGC  TCTTGGGTGA  CAATTGGTGT  GACCTTTGCA  GCCATGGTTG  GAGCTGGAAT  660
   GCTGGTACGA  TCAATACCAT  ATGACCAGAG  CCCAGGCCCA  AAGCATCTTG  CTTGGTTGCT  720
25  ACATTCTGGT  GTGATGGGTG  CAGTGGTGGC  TCCTCTGACA  ATATTAGGGG  GTCCTCTTCT  780
   CATCAGAGCT  GCATGGTACA  CAGCTGGCAT  TGTGGGAGGC  CTCTCCACTG  TGGCCATGTG  840
   TGCGCCAGT  GAAAAGTTTC  TGAACATGGG  TGCACCCCTG  GGAGTGGGCC  TGGGTCTCGT  900
   CTTTGTGTCC  TCATTGGGAT  CTATGTTTCT  TCCACCTACC  ACCGTGGCTG  GTGCCACTCT  960
   TTACTCAGTG  GCAATGTACG  GTGGATTAGT  TCTTTTCAGC  ATGTTCCCTC  TGTATGATAC  1020
30  CCAGAAAGTA  ATCAAGCGTG  CAGAAGTATC  ACCAATGTAT  GGAGTTCAAA  AATATGATCC  1080
   CATTAACCTG  ATGCTGAGTA  TCTACATGGA  TACATTAAAT  ATATTTATGC  GAGTTGCAAC  1140
   TATGCTGGCA  ACTGGAGGCA  ACAGAAAGAA  ATGAAGTGAC  TCAGCTTCTG  GCTTCTCTGC  1200
   TACATCAAAT  ATCTTGTTTA  ATGGGGCAGA  TATGCATTAA  ATAGTTTGTA  CAAGCAGCTT  1260
   TCGTTGAAGT  TTAGAAGATA  AGAAACATGT  CATCATATTT  AAATGTTCCG  GTAATGTGAT  1320
35  GCCTCAGGTC  TGCCTTTTTT  TCTGGAGAAT  AAATGCAGTA  ATCCTCTCCC  AAATAAGCAC  1380
   ACACATTTTC  AATTCTCATG  TTTGAGTGAT  TTTAAAATGT  TTTGGTGAAT  GTGAAAACTA  1440
   AAGTTTGTGT  CATGAGAATG  TAAGTCTTTT  TTCTACTTTA  AAATTTAGTA  GGTTCACTGA  1500
   GTAACATAAA  TTTAGCAAAC  CTGTGTTTGC  ATATTTTTTT  GGAGTGCAGA  ATATTGTAAT  1560
   TAATGTCATA  AGTGATTTGG  AGCTTTGGTA  AAGGGACCAG  AGAGAAGGAG  TCACCTGCAG  1620
40  TCTTTTGTTT  TTTTAAATAC  TTAGAACTTA  GCACTTGTGT  TATTGATTAG  TGAGGAGCCA  1680
   GTAAGAAACA  TCTGGGTATT  TGGAACAAG  TGGTCATTGG  TTACATTCAT  CTGCTGAAC  1740
   TAACAAAAC  GGTTCATCC  TGGAACAGGG  CACAGGTGAA  TGCATTCCTC  CTGCGTTGG  1800
   CTCCCCAGTG  GCCCGCCTTC  CCATATAGGA  TGTGGG  1836
```

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1220 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

```
TGAAGTTCTA AGAGCTTTCC AAGTTTGGGA AGGTGTCCGG GTTTTCTGCG ATTACTTCTC 60
TGAGCATGAA CGGAAGTCAC CCTTTGTGCC TTATGCGGTG ATTTTAATGA TAGGTGTCAT 120
15 ATATAGGACG GAGTAATCTG TTTACATTCT GTTCTTCTCG ATGCACTCAC AAGCGGGTAA 180
CTAGGTGACA AGAAAACAAA GATCTTATTC AAAAGAGGTC TTACAGCAAC CCAACGTCTC 240
ATCTTCCCAT AGTAAAGATG ACGGCGCCTT GAGGTAAGCT ACAGGCAACA CCACTTCCGC 300
GTTTCTCTTG CGCCCTGGTC CAAGATGGCG GATGAAGCCA CGCGACGTGT TGTGTCTGAG 360
ATCCCGGTGC TGAAGACTAA CGCCGGACCC CGAGATCGTG AGTTGTGGGT GCAGCGACTG 420
20 AAGGAGGAAT ATCAGTCCCT TATCCGGTAT GTGGAGAACA ACAAGAATGC TGACAACGAT 480
TGGTTCCGAC TGGAGTCCAA CAAGGAAGGA ACTCGGTGGT TTGGAAAATG CTGGTATATC 540
CATGACCTCC TGAAATATGA GTTTGACATC GAGTTTGACA TTCCTATCAC ATATCCTACT 600
ACTGCCCCAG AAATTGCAGT TCCTGAGCTG GATGGAAAGA CAGCAAAGAT GTACAGGGGT 660
GGCAAAATAT GCCTGACGGA TCATTTCAA CTTTGTGGG CCAGGAATGT GCCCAAATTT 720
25 GGACTIONGCTC ATCTCATGGC TCTGGGGCTG GGTCCATGGC TGGCAGTGA AATCCCTGAT 780
CTGATTCAGA AGGGCGTCAT CCAACACAAA GAGAAATGCA ACCAATGAAG AATCAAGCCA 840
CTGAGGCAGG GCAGAGGGAC CTTTGATAGG CTACGATACT ATTTTCCTGT GCATCACACT 900
TAACTCATCT AACTGCTTCC CCGGACACCC TCCACCTCTA GTTGTTACTA AGTAGCTGCA 960
GTAGGCATTG CTGGGGGAAGA AACAAACACA CACCAAACAG TACTGCTACT TAGTTTCTAA1020
30 GGCTGCACAG GGAAGGGAAA GACTGGGCTT TGGACAATCT AGAGGTAATT TATATCCGCC1080
CCCAGGTGGA GCAACATGCG ATTCTGGAGG CACGGGGGTA ACTGAAAGTG AGTACATATA1140
GTCTTTCTGG TTTCTGGAGA TAACCCATCA ATAAAAGCTG CTTCTCTG TAAAAAAA1200
AAAAAAA AAAA1220
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

5 CGCAGTGC GC AGGCGTGGGG CTCTCTCCTT GTCAGTCGGC GCCGCGTGCG GGCTGGTGGC 60
TCTGTGGCAG CGGCGGCGGC AGGACTCCGG CACTATGAGC GGCTTCAGCA CCGAGGAGCG 120
CGCCGCGCCC TTCTCCCTGG AGTACCGAGT CTTCTCAAA AATGAGAAAG GACAATATAT 180
ATCTCCATTT CATGATATTC CAATTTATGC AGATAAGGAT GTGTTTCACA TGGTAGTTGA 240
AGTACCACGC TGGTCTAATG CAAAAATGGA GATTGCTACA AAGGACCCTT TAAACCCTAT 300
TAAACAAGAT GTGAAAAAAG GAAAACTTCG CTATGTTGCG AATTTGTTCC CGTATAAAGG 360
10 ATATATCTGG AACTATGGTG CCATCCCTCA GACTTGGGAA GACCCAGGGC ACAATGATAA 420
ACATACTGGC TGTGTGGTG ACAATGACCC AATTGATGTG TGTGAAATTG GAAGCAAGGT 480
ATGTGCAAGA GGTGAAATAA TTGGCGTGAA AGTTCTAGGC ATATTGGCTA TGATTGACGA 540
AGGGGAAACC GACTGGAAAG TCATTGCCAT TAATGTGGAT GATCCTGATG CAGCCAATTA 600
TAATGATATC AATGATGTCA AACGGCTGAA ACCTGGCTAC TTAGAAGCTA CTGTGGACTG 660
15 GTTTAGAAGG TATAAGGTTT CTGATGGAAA ACCAGAAAAT GAGTTTGCGT TTAATGCAGA 720
ATTTAAAGAT AAGGACTTTG CCATTGATAT TATTAAAAGC ACTCATGACC ATTGGAAAGC 780
ATTAGTGACT AAGAAAACGA ATGGAAAAGG AATCAGTTGC ATGAATACAA CTTTGTCTGA 840
GAGCCCCCTT AAGTGTGATC CTGATGCTGC CAGAGCCATT GTGGATGCTT TACCACCACC 900
CTGTGAATCT GCCTGCACAG TACCAACAGA CGTGGATAAG TGGTTCCATC ACCAGAAAAA 960
20 CTAATGAGAT TTCTCTGGAA TACAAGCTGA TATTGCTACA TCGTGTTCAT CTGGATGTAT 1020
TAGAAGTAAA AGTAGTAGCT TTTCAAAGCT TTAAATTTGT AGAACTCATC TAACTAAAGT 1080
AAATTCTGCT GTGACTAATC CAATATACTC AGAATGTTAT CCATCTAAAG CATTTTTCAT 1140
ATCTCAACTA AGATAACTTT TAGCACATGC TTAAATATCA AAGCAGTTGT CATTTGGAAG 1200
TCACTTGTGA ATAGATGTGC AAGGGGAGCA CATATTGGAT GTATATGTTA CCATATGTTA 1260
25 GGAAATAAAA TTATTTTGCT GAACTTGGA AAAAAAAAAA AAA 1303

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1586 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

50

CGGCTCGAGC GGCTCGAGAT TCGAGGTCGT GGTGGTCTTG GAAGAGCGTC GAGGGGGCCG 60
TGGACGTGGA ATGGGCGGAG GAGATGGATT TGATTCTCGT GGCAAACGTG AATTTGATAG 120
GCATAGTGGA AGTGATAGAT CTGGCCTGAA GCACGAGGAC AAACGTGGAG GTAGCGGATC 180
55 TCACAACTGG GGAAGTGTCA AAGACGAATT AACAGAGTCC CCCAAATACA TTCAGAAACA 240
AATATCTTAT AATTACAGTG ACTTGGATCA ATCAAATGTG ACTGAGGAAA CACCTGAAGG 300
TGAAGAACAT CATCCAGTGG CAGACACTGA AAATAAGGAG AATGAAGTTG AAGAGGTAAA 360

```

AGAGGAGGGT CCAAAAGAGA TGACTTTGGA TGAGTGGAAG GCTATTCAAA ATAAGGACCG 420
GGCAAAAGTA GAATTTAATA TCCGAAAACC AAATGAAGGT GCTGATGGGC AGTGGAAGAA 480
GGGATTTGTT CTTCAATAAT CAAAGAGTGA AGAGGCTCAT GCTGAAGATT CGGTTATGGA 540
CCATCATTTT CGGAAGCCAG CAAATGATAT AACGTCTCAG CTGGAGATCA ATTTTGGAGA 600
5 CCTTGCCCGC CCAGGACGTG GCGGCAGGGG AGGACGAGGT GGACGTGGGC GTGGTGGGCG 660
CCCAAACCGT GGCAGCAGGA CCGACAAGTC AAGTGCTTCT GCTCCTGATG TGGATGACCC 720
AGAGGCATTC CCAGCTCTGG CTTAACTGGA TGCCATAAGA CAACCCTGGT TCCTTTGTGA 780
ACCCCTTCTGT TCAAAGCTTT TGCATGCTTA AGGATTCCAA ACGACTAAGA AATTAATAA 840
AAAAAGACTG TCATTCATAC CATTACACACC TAAAGACTGA ATTTTATCTG TTTTAAAAAT 900
10 GAACTTCTCC CGCTACACAG AAGTAACAAA TATGGTAGTC AGTTTGTAT TTAGAAATGT 960
ATTGGTAGCA GGGATGTTTT CATAATTTT AGAGATTATG CATTCTTCAT GAATACTTTT 1020
GTATTGCTGC TTGCAATAT GCATTTCCAA ACTTGAAATA TAGGTGTGAA CAGTGTGTAC 1080
CAGTTTAAAG CTTTCACTTC ATTTGTGTTT TTTAATTAAG GATTTAGAAG TTCCCCCAAT 1140
TACAACTGG TTTTAAATAT TGGACATACT GGTTTTAATA CCTGCTTTC ATATTCACAC 1200
15 ATGGTCAACT GGGACATGTT AAACCTTGAT TTGTCAAATT TTATGCTGTG TGGAAATACTA 1260
ACTATATGTA TTTTAACTTA GTTTTAATAT TTTCATTTTT GGGGAAAAAT CTTTTTTCAC 1320
TTCTCATGAT AGCTGTTATA TATATATGCT AAATCTTTAT ATACAGAAAT ATCAGTACTT 1380
GAACAAATTC AAAGCACATT TGGTTTATTA ACCCGTGGCT GCCCTGGCAT GGGGCCCAT 1440
TGGGGTCCAA ATTATACTG ATTTACATTT TCAGCGATAT TACTTTTAAA TGCCTGAGTT 1500
20 CCCATTTAAA ATCTAACTAG ACACCTAATG GGAAGTGGT TAACCACTAT GTGGTAGCCA 1560
CGGGCCAG

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

```

40 KQVKCAKVS Y LLFLFQYCAI DSCIKFVNAG SSWLSSVT LW SMSSVSL SAS NVGRVRIKSE 60
GCSTGDKLSL GVPASKATEP ISFRRRSSCS LCCWLSALAS DFFRRSYSGR YLSYSSAAL 120
VTCTKSSSNP VPRTAETPTT LSEL
144

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

```

Name: 275          Len: 143  Check: 15DA
  MSLVLDEFYS SLRVVGVS AV LGTGLDEL FV QVTSAAEEYE REYRPEYERL KKSLANAESQ 60
10  QQREQLERLR KDMGSVALDA GTPKDSLSPV LHPSDLILTR PTLEADSDTD DIDHRVTEES120
  HEEPAFONFM OESMAQYWKR NNK                                     143

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

15 (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

30

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
T 181

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

NELIIWQVRVL PKCQVHRKEC VANLTHQPTH RPTASALCSR WLQRCRDVGR CLLQVGQGal60
RDVGGLFVLH VDVLQHLLPM PQLCQVLLD 89

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

5

(A) LÄNGE: 401 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

MPNFCAAPNC TRKSTQSDLA FFRFPRDPA CQKWVENCRR ADLEDKTPDQ LNKHYRLCAK 60
HFETSMICRT SPYRTVLRDN AIPTIFDLTS HLNNPHSRHR KRIKELSEDE IRTLKQKKID120
25 ETSESEQKHK ETNNSNAQNP SEELEGQDE DILPLTLEEK ENKEYLKSLE EILILMGKQN180
IPLDGHEADE IPEGLFTPDN FQALLECRIN SGEEVLRKRF ETTAVNTLFC SKTQQRQMLE240
ICESCIREEET LREVRDSHFF SIITDDVVDI AGEHLPVLV RFVDESHNLR EEFIGFLPYE300
ADAEILAVKF HTMITEKWGL NMEYCRGQAY IVSSGFSSKM KVVASRLLEK YPQAIYTLCS360
30 SCALNMWLAK SVPVMGVSA LGTIEEVCSF FHXITTTAFR T 401

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

50

MLISGTLSHG TTQIQYXXEE HHADMYRSDL PNPDTLSAEL HCWRIKWKHR GKDIELPSTI 60
YEALHLPDIK FFPNVYALLK VLCILPVMKV ENERYENGTK ASLKHI 106

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

```
GRKCNKFWDN AQTSGIEEPS ETKGSMQKSK FKYKLVPEEE TTASENTEIT SERQKEGIKL 60
TIRISSRKKK PDSPPKVLEP ENKQEKTEKE EEKTNVGRTL RRSPRISRPT AKVAEIRDQK120
ADKKRGEDED EEEEEETALQ KTDKKEILKK SEKDTNSKVS KVKPKGKVRW TGSRTGRWK180
YSSNDESEGS GSEKSSAASE EEEEEKESEE ILADDDEPCK KCGLPNHPPEL ILLCDSCDSG240
YHTACLRPPL MIIPDGEWFC PPCQHLLCE KLEEQQLQDL D VALKKKERAE RRKERLVYVG300
ISIENIIPPQ EPDFSEDQEE KKKDSKSKA NLLERRSTRT RKCISYRFDE FDEAIDEAIE360
DDIKEADGGG VGRGKDISTI TGHGKDIST ILDEKIIT 398
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

```
SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120
ADDLSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVRT LPLGFTLLTL EFVSFSDFEK ISFLSVFCKA180
VDSSSTSSSP SPLFLSAF 198
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 202 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

15 GRLPFSGRGR GKKVTSGDGV ASLPLKLGR L FGGVTRGFNM RIEKCYFCSG PIYPGHGMMF 60
VRNDCKVFRF CKSKCHKNEFK KKRNP RKVRW TKA FRKAAGK ELTVDNSF EF EKRRNEPIKY120
QRELWNKTID AMKRVEEIKQ KRQAKFIMNR LKKNKELQKV QDIKEVKQNI HLIRAPLAGK180
GKQLEEKMVQ QLQEDVDMED AP 202

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

: (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

40 IIHCKLFTSC FPECFGPPNF ARIALLFKVF MTFRFAKSEH LAIVADEHHA VSRIDGPRTE60
ITLFDTHVEP ACNPTKQTPK LERK 84

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

45 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

10 RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVSAMAF LASGPYLTHQ QKVLRLYKRA LRHLESWCVQ 60
RDKYRYFACL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120
YDCYKVPEWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRESW EREVKQLQEE TPPGGPLTEA180
LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRMAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

40 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPRWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

5

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45

RLSCAGTLSG SGPSPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60
KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIIHHLD ECPHSQALKK120
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

15 GNPPLPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

20 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

35 GGXGXQLLXP XAXQGXPAAS CXXQDVHLXR CXTVVRWYQR ITGMPXXAPT RNFSKFQRXV 60
MDLHGFPKEX GQXEXQEXLQ WEGRSSSGKC RISXSXLPXS TIXXFLKXXW XXIRXQSPXT120
WXRTYLRGSL ISEFSPGSL PNWLEGKPRM TXAKWPKFFL 160

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

45 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

RHXPLXLGXH GHRAHSCLGW SQXALWDXAW GLXXXGSXQX RKKEAXWCVX VGXVGXCXXP 60
XEXMXXGFEQ NXXGPNXXV SXLGXXXWNR XAEKNMXGCC AKXVNXMDH XXGFQXRQIR120
GLCSHAHTGX NCHVSXSGSD TQLCXGLSFM 150

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

RAAKILKGGL QEVAEQLELE RIGPQHQAGS DSSLTGMAFF KMREMFEDH IDDAKYCGHL60
YGLSGSSYV QNGTGNAYEE EANKQS 86

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120
LKL PQIQKIM MEFERQAEIM DMKEEMMND A IDDPMGDEED EEESDAVVSQ VLDELGLSLT180
DELSNLPSTG GSLSVAAGGK KAEAAASALA DADADLEERL KNLRRD 226

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

KILGIHWLSR SGRGTQSLRR FLSSRSAS ASARAEAAAS AFFPPAATLS EPPVEGRFDS 60
SSVRLSPSSS RTWDTTASLS SSSSSSPMGS SMASFISSF ISMISACRSN SIMIFWIWGN120
FSCLEFVPMALVTPFMAICAI ELLDLSVWIL RDTAWMLARI NTNLR 166

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

- (A) LÄNGE: 233 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

15

KPEGARRVQF VMGLFGKTQE KPPKELVNEW SLKIRKEMRV VDRQIRDIQR EEEKVKRSVK 60
DAAKKGQKDV CIVLAKEMIR SRKAVSKLYA SKAHMNSVLM GMKNQLAVLR VAGSLQKSTE120
VMKAMQSLVK IPEIQATMRE LSKEMMKAGI IEEMLEDTFE SMDDQEEMEE EAEMEIDRIL180
FEITAGALGK APSKVTDALP EPEPPGAMAA SEDEGEEEEEA LEAMQSRLAT LRS 233

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

20

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

40

LMPFQSQNLQ ERWLPQMRG RRRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRSIDRY ILLWGGERNP120
SAHEALLKI 129

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 351 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

5 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
10 MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VEVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

15 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

30 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

40 (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

RRLEVSYRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YRGGKICLTD HFKPLWARNV PKFGLAHLMA LGLGPWLAVE IPDLIQKGV180
QHKEKCNQ 188

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

SKFGHIPGPQ RFEMIRQAYF ATPVHLCCLS IQLRNCNFWG SSRICDRNVK LDVKLIFQEV 60
MDIPAFSKPP SSFLVGLQSE PIVVSILVVL HIPDKGLIFL LQSLHPQLTI SGSGVSLQHR120
DLRHNTSRGF IRHLGPGRKR NAEVVLPVAY LKAPSSLLWE DETLGCCCKTS FE 172

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 320 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKDVFHMOVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVIAI NVDDPDAAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTCKTNGKG ISCMNTTLSE SPFKCDPDAA RAIVDALPPP300
CESACTVPTD VDKWFHHQKN 320

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

RVLCSNLHFC IRPAWYFNYH VKHILICINW NIMKWRYILS FLIFEEDSVL QGEGRGALLG60
AEAHSAGVL PPPLPQSHQP ARGAD 85

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEEDSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGR GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFPALA 247

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
VHLVLP CRHV LGGQGLQN 78

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

35 ATRGAEQDGG ASAARPRRRW AGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60
VDPKDAHSN LLAKKETS NL YKLQFHNVPK ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS180
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRP GTMIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLY MV240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

(A) LÄNGE: 208 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 AHRNSTALLE GRGLQWDHDS GFHFLNKNWC VIYQFLPAMF VPCCIPYVFP GLKIPVSPKM 60
VHHVQLPNLR EESSDGFVTI LSEADCTSPV IAPFNHGSWS ELVRPEFIYI RSGSWHRLIP120
ETELQQELIL PGEKHVTSL TKFQKFLIFS EFIHDFCEGW IASFIPPEVD SLVLLAIPRV180
PSPHQSTRVV FIFVNLWQHL LTNEFVVCF 208

Patentansprüche

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-123, 258-273, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 35 5. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 hybridisieren.

9. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

10 11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

20 13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

25 14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

30 15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

35 16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.

40 17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

45 18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

50 19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.

5

21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.

10

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15

23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

24. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307.

20

25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30

27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenes Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 in einem Phage Display Verfahren.

35

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß Anspruch 3 in einem Phage Display Verfahren.

40

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.

45

31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

50

32. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 in sense oder antisense Form.
- 5 33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 10 34. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
- 15 35. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 20 36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 38. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273.
- 30 39. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 40. Verwendung gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 40 41. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.



1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

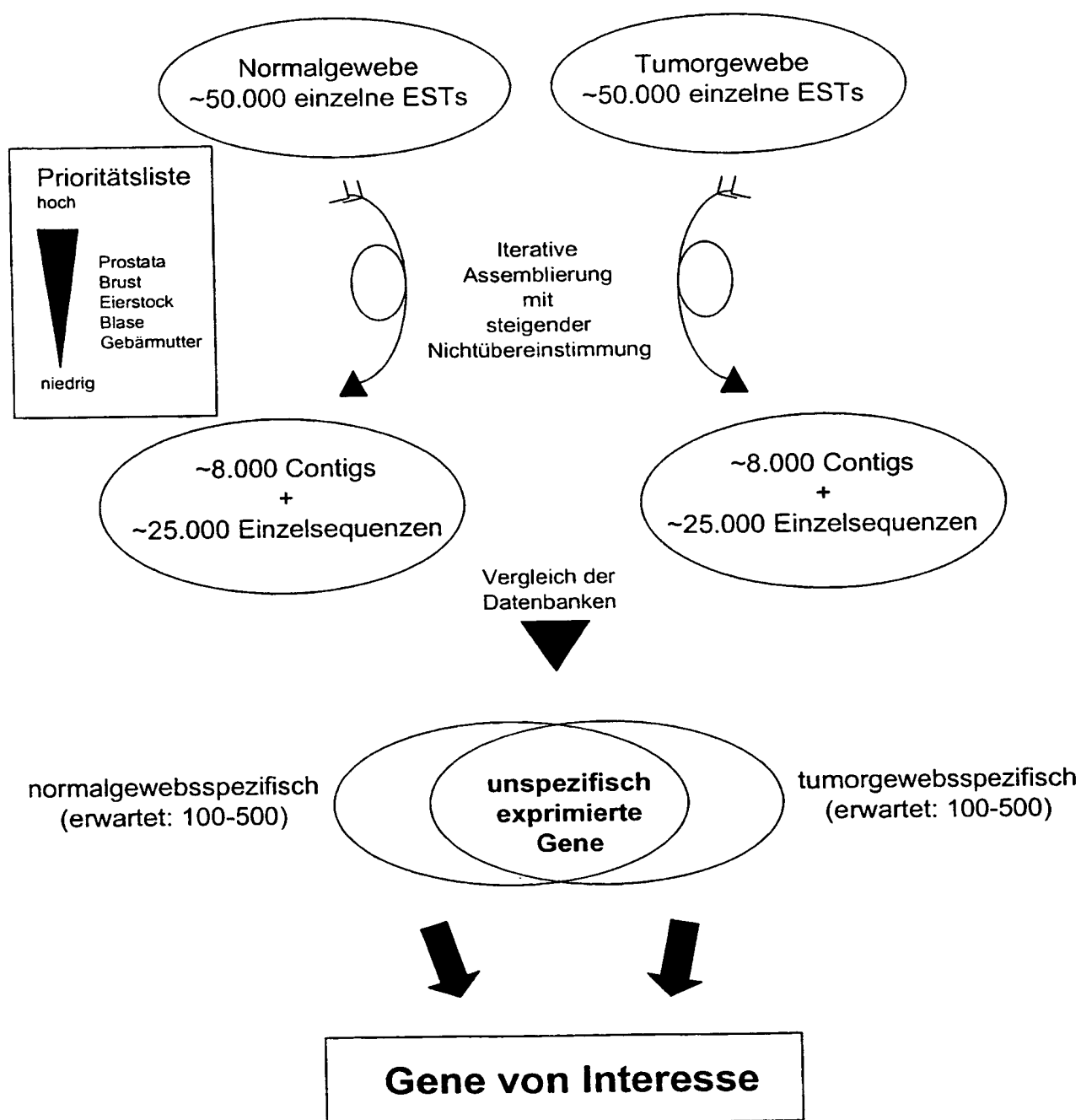


Fig. 1



2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

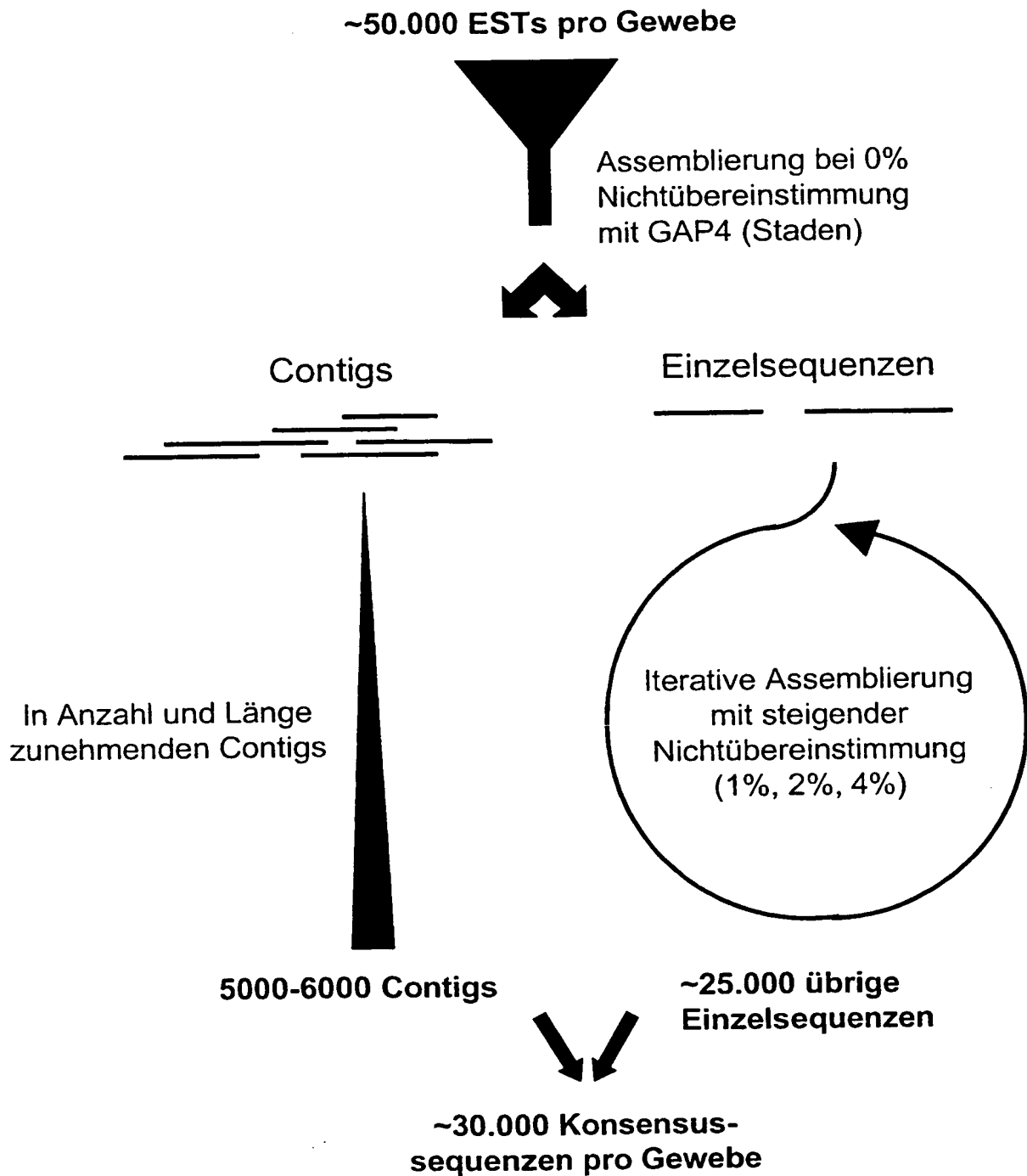


Fig. 2a



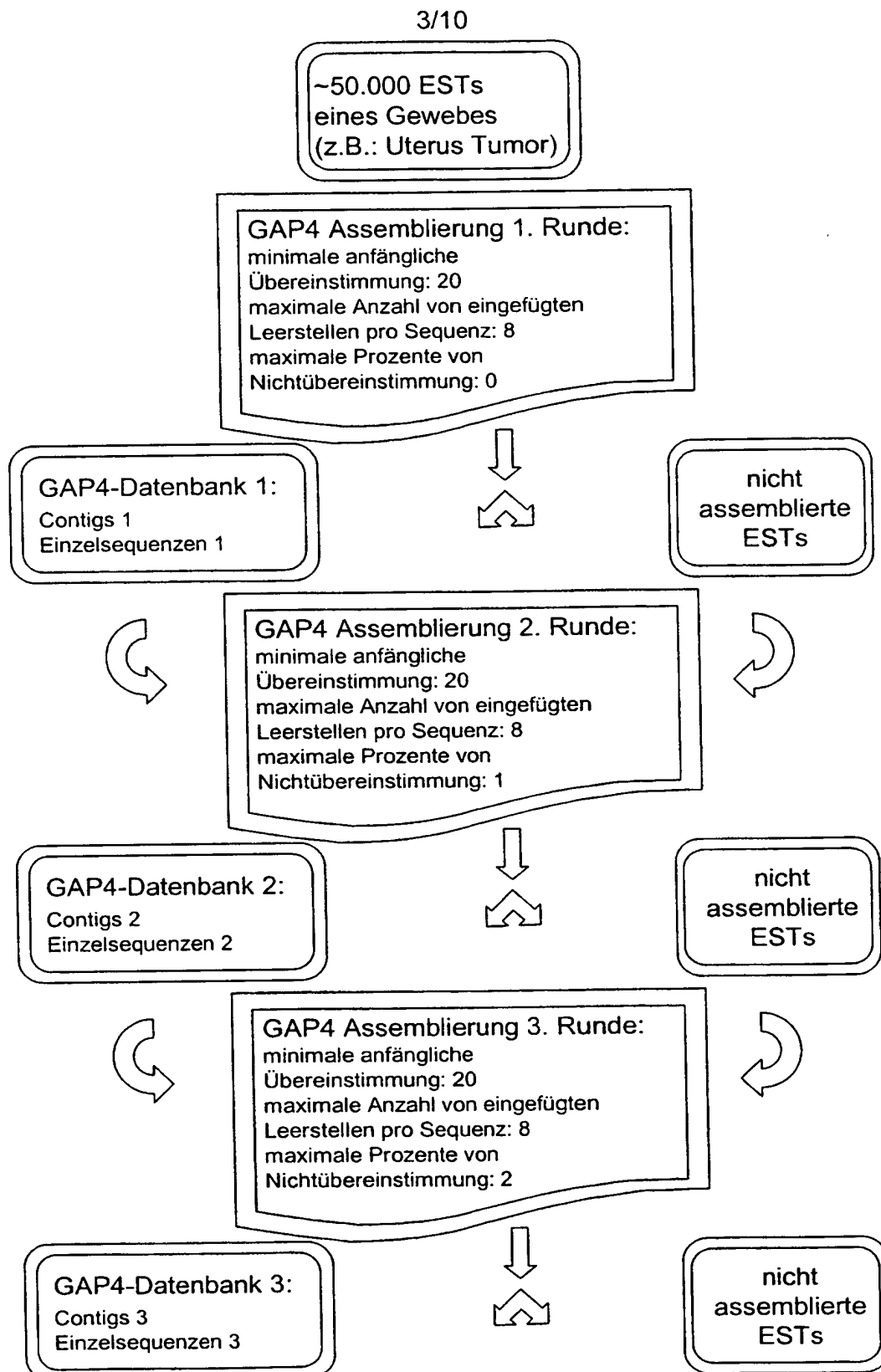


Fig. 2b1



4/10

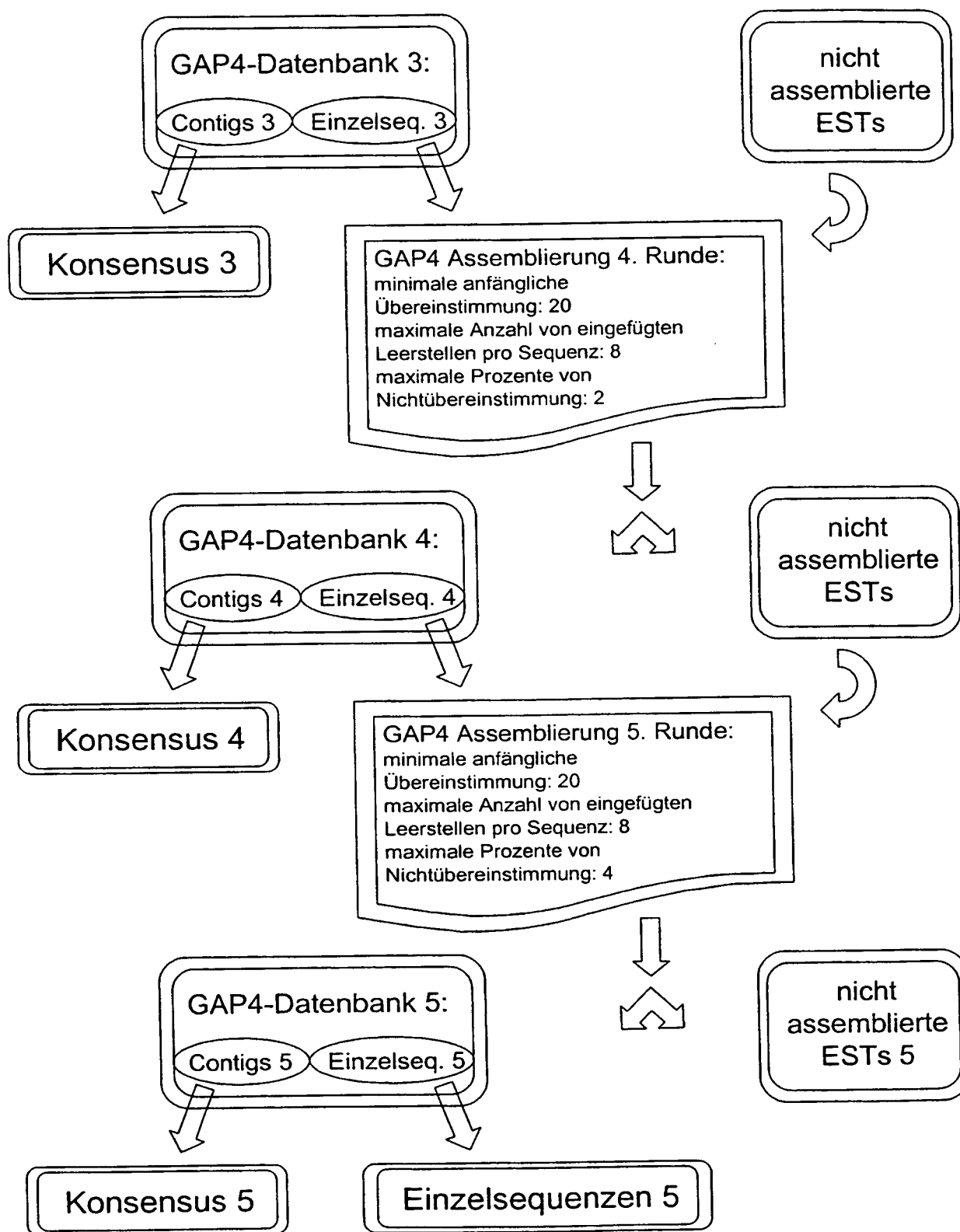


Fig. 2b2



5/10

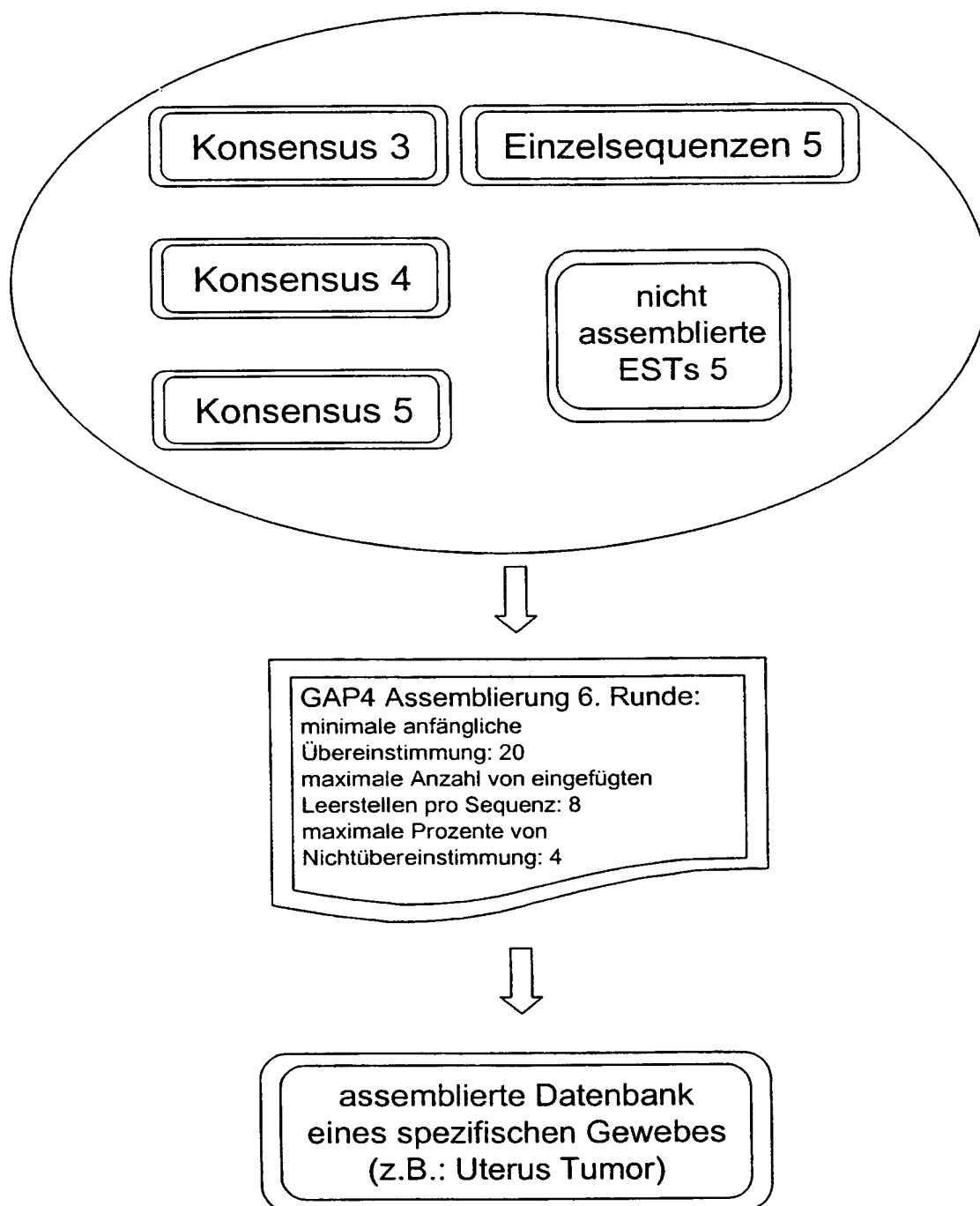


Fig. 2b3



6/10

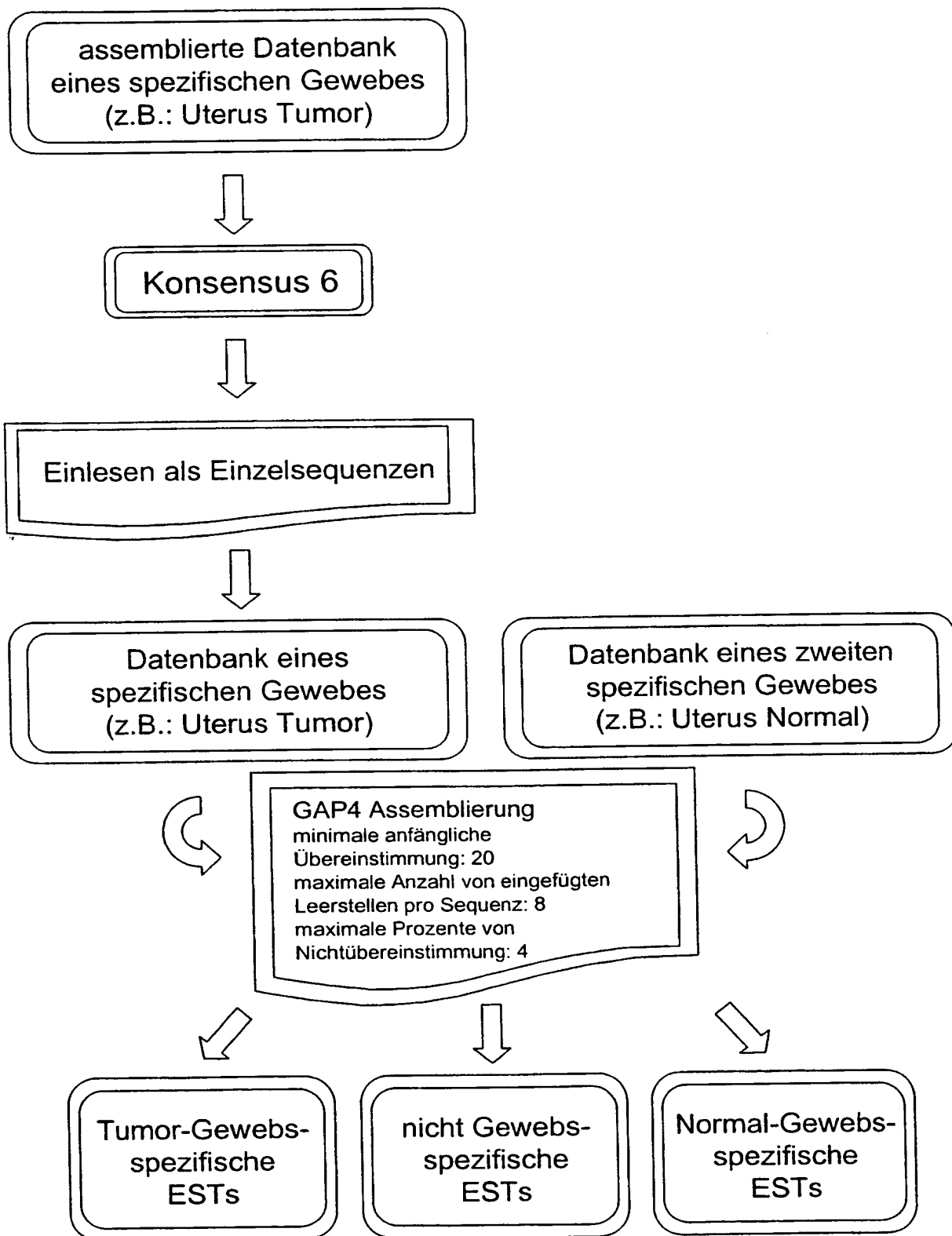


Fig. 2b4



7/10

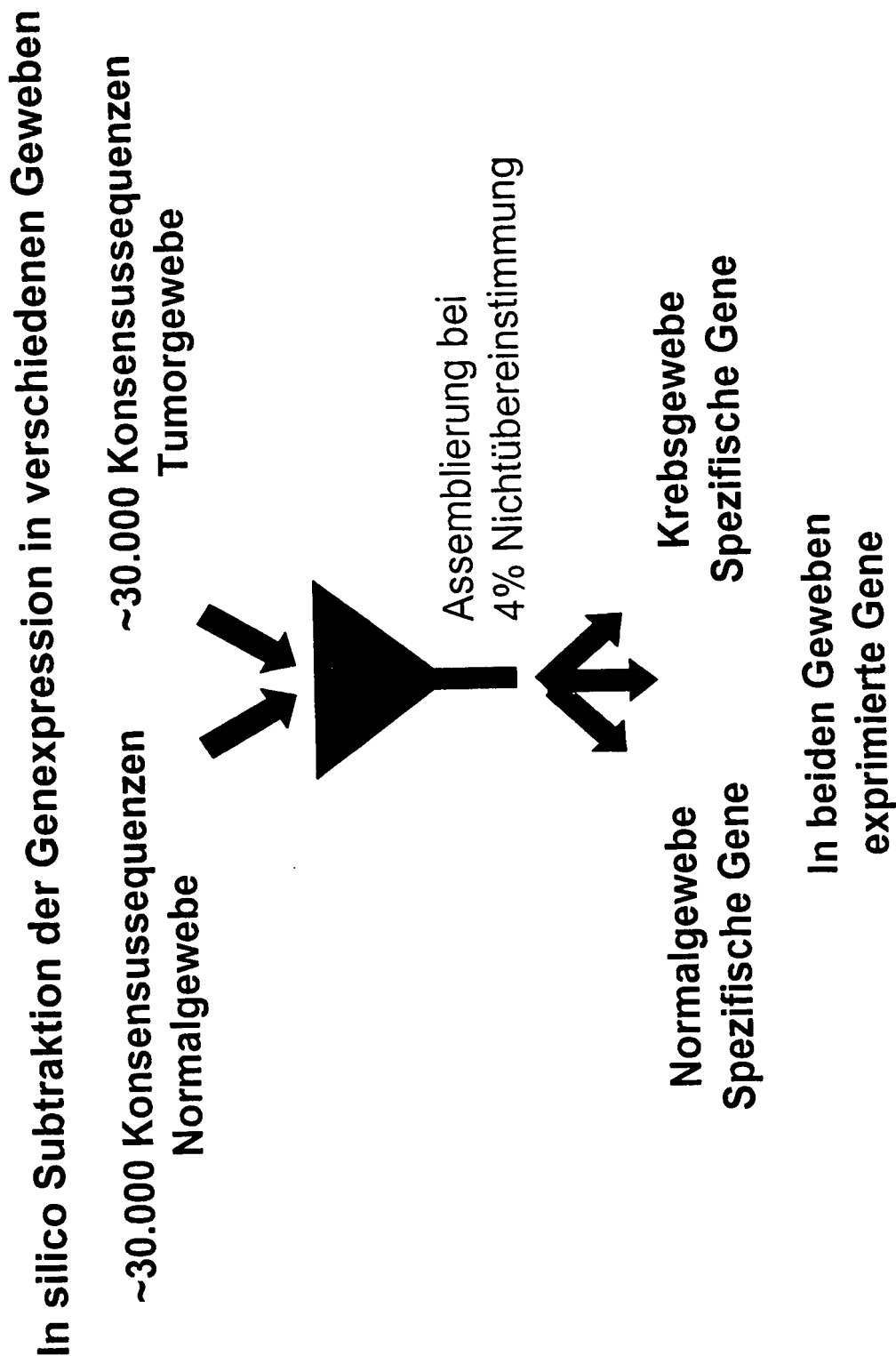


Fig. 3



8/10

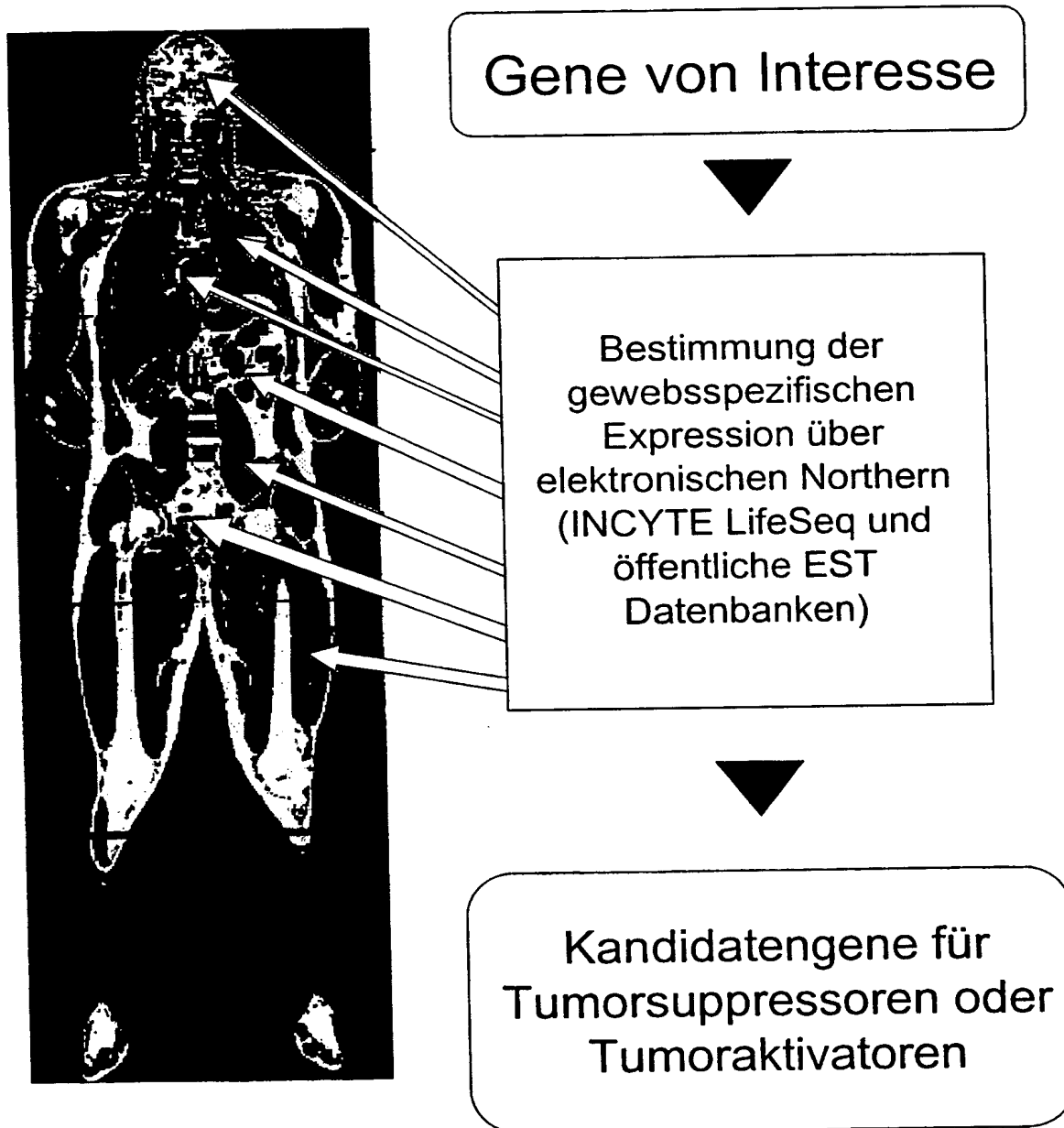


Fig. 4a



9/10

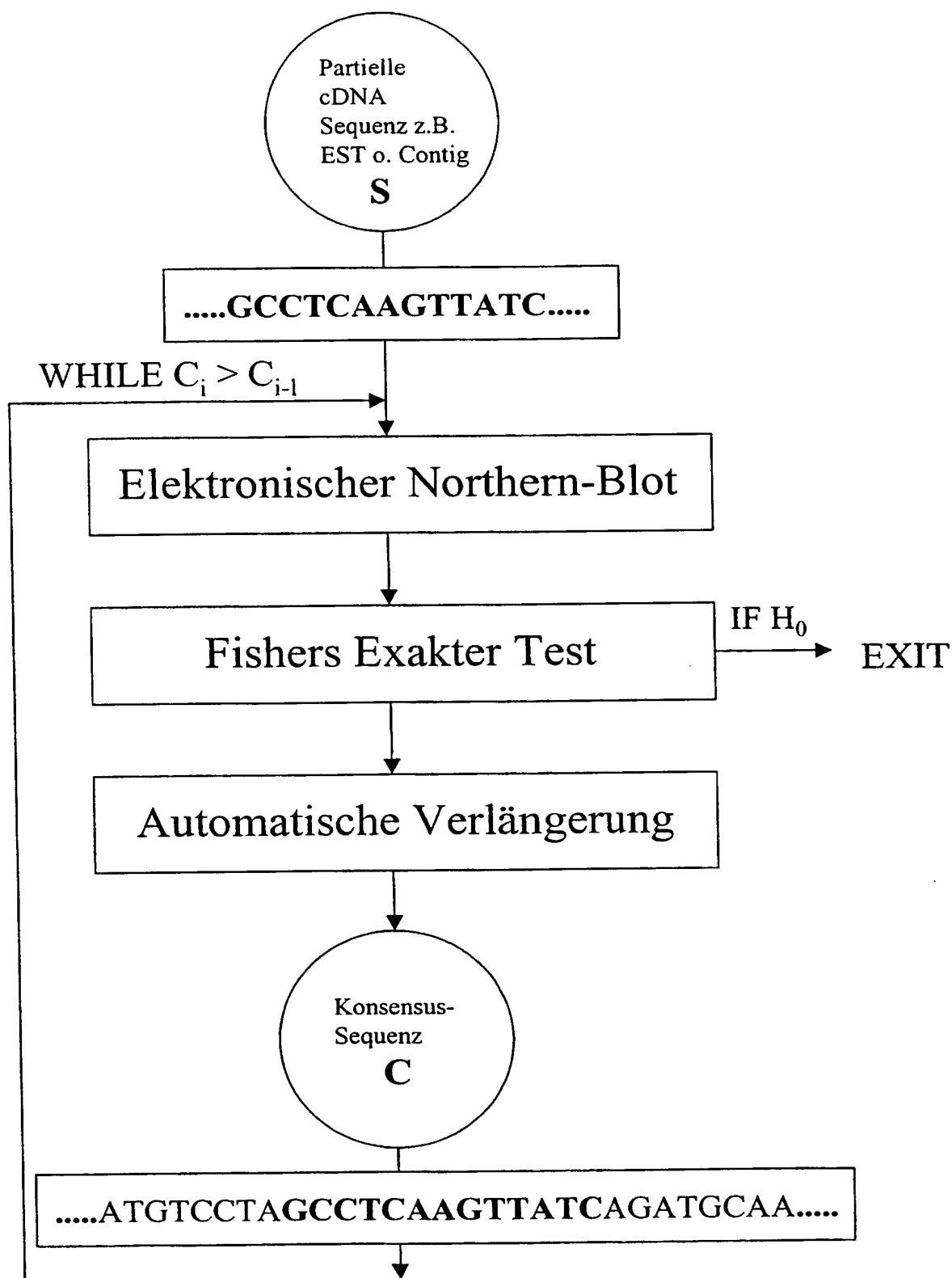


Fig. 4b



10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5



10/pts.

09/646778

422 R&PCT/PTO 22 SEP 2000

WORLD INTELLECTUAL PROPERTY ORGANIZATION

PCT

International Office

INTERNATIONAL APPLICATION PUBLISHED ACCORDING TO THE

INTERNATIONAL PATENT COOPERATION TREATY (PCT)

(51) International Patent Classification⁶:

C12N 15/00

A2

(11) International Publication Number: WO 99/53040

(43) International Publication Date: October 21, 1999

(10/21/1999)

(21) International File Number: PCT/DE99/01087

(22) International Application Date: April 7, 1999 (4/7/99)

(30) Priority Data: 198 17 557.4 April 9, 1998 (4/9/98) DE

(71) Applicant (for all designated countries except US): METAGEN
GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63,
D-14195 Berlin (DE).

(72) Inventors; and

(75) Inventors/applicants (only for US): SPECHT, Thomas [DE/DE];
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd
[DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT,
Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE).
PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-
01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-
Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André
[DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(81) Designated countries: JP, US, European patent (AT, BE, CH,
CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

855848100

ASS H&H 2 2 074104 2 2 25 5000

09/646778

422 Rec'd PCT/PTO 22 SEP 2000.

Published

Without international search report and to be republished
after receipt of the report.

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOR
TISSUE

(57) Abstract

Human nucleic acid sequences -- mRNA, cDNA, genomic
sequences -- from ovarian tumor tissue, which code for gene
products or parts thereof, and their use, are described. In
addition, the polypeptides that can be obtained by way of the
sequences and their use are described.

855040100

0000 922 5 5 0000000000000000

FOR INFORMATION ONLY

Codes used for identifying PCT member countries
sheets of the publications of international applicatio.
according to the PCT.

AL	Albania
AM	Armenia
AT	Austria
AU	Australia
AZ	Azerbaijan
BA	Bosnia-Herzegovina
BB	Barbados
BE	Belgium
BF	Burkina Faso
BG	Bulgaria
BJ	Benin
BR	Brazil
BY	Belarus
CA	Canada
CF	Central African Republic
CG	Congo
CH	Switzerland
CI	Ivory Coast
CM	Cameroon
CN	China
CU	Cuba
CZ	The Czech Republic
DE	Germany
DK	Denmark
EE	Estonia
ES	Spain
FI	Finland
FR	France
GA	Gabon
GB	United Kingdom
GE	Georgia
GH	Ghana
GN	Guinea
GR	Greece
HU	Hungary
IE	Ireland
IL	Israel
IS	Iceland
IT	Italy
JP	Japan
KE	Kenya
KG	Kyrgyzstan
KP	Democratic People's Republic of Korea
KR	Republic of Korea
KZ	Kazakhstan

355848100

0005 532.55 074709 6584 SSA

09/646778

422 Recd PCT/PTO 22 SEP 2000

LC	St. Lucia
LI	Liechtenstein
LK	Sri Lanka
LR	Liberia
LS	Lesotho
LT	Lithuania
LU	Luxembourg
LV	Latvia
MC	Monaco
MD	Republic of Moldova
MG	Madagascar
MK	the former Yugoslavian Republic of Macedonia
ML	Mali
MN	Mongolia
MR	Mauritania
MW	Malawi
MX	Mexico
NE	Niger
NL	The Netherlands
NO	Norway
NZ	New Zealand
PL	Poland
PT	Portugal
RO	Romania
RU	Russian Federation
SD	Sudan
SE	Sweden
SG	Singapore
SI	Slovenia
SK	Slovakian Republic
SN	Senegal
SZ	Swaziland
TD	Chad
TG	Togo
TJ	Tajikistan
TM	Turkmenistan
TR	Turkey
TT	Trinidad and Tobago
UA	The Ukraine
UG	Uganda
US	United States of America
UZ	Uzbekistan
VN	Vietnam
YU	Yugoslavia
ZW	Zimbabwe

855848126

ASSOCIATED PRESS 5 5 SEP 5000

VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT
AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS

PCT

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

(Artikel 18 sowie Regeln 43 und 44 PCT)

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts 51580AWOM1XX24-P	WEITERES VORGEHEN siehe Mitteilung über die Übermittlung des internationalen Recherchenberichts (Formblatt PCT/ISA/220) sowie, soweit zutreffend, nachstehender Punkt 5	
Internationales Aktenzeichen PCT/DE 99/ 01087	Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) 07/04/1999	(Frühestes) Prioritätsdatum (Tag/Monat/Jahr) 09/04/1998
Anmelder MetaGen GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH et al.		

Dieser internationale Recherchenbericht wurde von der Internationalen Recherchenbehörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 18 übermittelt. Eine Kopie wird dem Internationalen Büro übermittelt.

Dieser internationale Recherchenbericht umfaßt insgesamt 5 Blätter.

☒ Darüber hinaus liegt ihm jeweils eine Kopie der in diesem Bericht genannten Unterlagen zum Stand der Technik bei.

1. Grundlage des Berichts

- a. Hinsichtlich der **Sprache** ist die internationale Recherche auf der Grundlage der internationalen Anmeldung in der Sprache durchgeführt worden, in der sie eingereicht wurde, sofern unter diesem Punkt nichts anderes angegeben ist.

☐ Die internationale Recherche ist auf der Grundlage einer bei der Behörde eingereichten Übersetzung der internationalen Anmeldung (Regel 23.1 b)) durchgeführt worden.

- b. Hinsichtlich der in der internationalen Anmeldung offenbaren **Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenz** ist die internationale Recherche auf der Grundlage des Sequenzprotokolls durchgeführt worden, das

☒ in der internationalen Anmeldung in Schriftlicher Form enthalten ist.

☒ zusammen mit der internationalen Anmeldung in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☐ bei der Behörde nachträglich in schriftlicher Form eingereicht worden ist.

☐ bei der Behörde nachträglich in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.

☒ Die Erklärung, daß das nachträglich eingereichte schriftliche Sequenzprotokoll nicht über den Offenbarungsgehalt der internationalen Anmeldung im Anmeldezeitpunkt hinausgeht, wurde vorgelegt.

☒ Die Erklärung, daß die in computerlesbarer Form erfaßten Informationen dem schriftlichen Sequenzprotokoll entsprechen, wurde vorgelegt.

2. ☐ Bestimmte Ansprüche haben sich als nicht recherchierbar erwiesen (siehe Feld I).

3. ☒ Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung (siehe Feld II).

4. Hinsichtlich der **Bezeichnung der Erfindung**

☒ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☐ wurde der Wortlaut von der Behörde wie folgt festgesetzt:

5. Hinsichtlich der **Zusammenfassung**

☒ wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.

☐ wurde der Wortlaut nach Regel 38.2b) in der in Feld III angegebenen Fassung von der Behörde festgesetzt. Der Anmelder kann der Behörde innerhalb eines Monats nach dem Datum der Absendung dieses internationalen Recherchenberichts eine Stellungnahme vorlegen.

6. Folgende Abbildung der **Zeichnungen** ist mit der Zusammenfassung zu veröffentlichen: Abb. Nr. _____

☐ wie vom Anmelder vorgeschlagen

☐ weil der Anmelder selbst keine Abbildung vorgeschlagen hat.

☐ weil diese Abbildung die Erfindung besser kennzeichnet.

☒ keine der Abb.

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich

3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

Siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:
1 - 41 (alle teilweise)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: 1-41, alle teilweise

Nukleinsäuresequenz mit der SEQ ID NO 1, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid-Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.

2. Ansprüche: 1-41, alle teilweise

ERFINDUNGEN 2-139:

Nukleinsäuresequenz mit der SEQ ID NO 1, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid-Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.



INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

DE 99/01087

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C07K14/82 C07K14/335 C07K14/705 C12Q1/68 C12N15/10
G01N33/574

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C07K C12Q C12N G01N

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	YU. W. ET AL.: "Large-scale concatenation cDNA sequencing" GENOME RESEARCH, Bd. 7, 1997, Seiten 353-358, XP002128368 Zusammenfassung	1-41
P,X	& DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID, AC AF131807, 15. März 1999 (1999-03-15) "gene from human infant brain tissue" Zusammenfassung	1
X	--- DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID HS250D10; AC Z99716, 2. Oktober 1997 (1997-10-02) CLARK, G.: "human DNA sequence from clone 250D10 on chromosome 22" XP002128393 Zusammenfassung --- -/-	1



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

21. Januar 2000

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

02. 04. 00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

HERMANN R.

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGEKÜNDIGTE UNTERLAGEN

Kategorie°	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	BOBER, M.A. ET AL.: "Differential display PCR analysis of normal, borderline and malignant ovarian epithelium" PROC. AM. ASS. CANCER RES., Bd. 36, Nr. 0, 1995, Seite 227 XP002128390 Zusammenfassung ---	1-41
Y	LIDOR, Y.J. ET AL.: "Ovarian cancer gene expression: Differential expression of genes ..." GYNECOL. ONCOL., Bd. 40, Nr. 2, 1991, Seite 184 XP002128391 Zusammenfassung ---	1-41
Y	VAN DEN BRÛLE, F.A. ET AL.: "Differential expression of the 67-kD Laminin Receptor ..." EUR. J. CANCER, Bd. 30a, Nr. 8, 1994, Seiten 1096-1099, XP002128392 Zusammenfassung -----	1-41



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.

99/01087

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C07K14/82 C07K14/335 C07K14/705 C12Q1/68 C12N15/10
G01N33/574

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C07K C12Q C12N G01N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	YU. W. ET AL.: "Large-scale concatenation cDNA sequencing" GENOME RESEARCH, vol. 7, 1997, pages 353-358, XP002128368 abstract	1-41
P,X	& DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID, AC AF131807, 15 March 1999 (1999-03-15) "gene from human infant brain tissue" abstract	1
X	--- DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID HS250D10; AC Z99716, 2 October 1997 (1997-10-02) CLARK, G.: "human DNA sequence from clone 250D10 on chromosome 22" XP002128393 abstract --- -/--	1

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☐ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- *&* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

21 January 2000

Date of mailing of the international search report

07.04.00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

HERMANN R.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Patent Application No.

PCT/DE 99/01087

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	BOBER, M.A. ET AL.: "Differential display PCR analysis of normal, borderline and malignant ovarian epithelium" PROC. AM. ASS. CANCER RES., vol. 36, no. 0, 1995, page 227 XP002128390 abstract ---	1-41
Y	LIDOR, Y.J. ET AL.: "Ovarian cancer gene expression: Differential expression of genes ..." GYNECOL. ONCOL., vol. 40, no. 2, 1991, page 184 XP002128391 abstract ---	1-41
Y	VAN DEN BRÛLE, F.A. ET AL.: "Differential expression of the 67-kD Laminin Receptor ..." EUR. J. CANCER, vol. 30a, no. 8, 1994, pages 1096-1099, XP002128392 abstract -----	1-41

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01087

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

See supplemental sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Claims nos: 1-41 (all in part)

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

Field II.4 (continued)

1. Claims nos: 1-41, all in part

Nucleic acid sequence with the SEQ ID NO. 1, variants thereof and complementary sequences; polypeptide partial sequences coded from same; their use, etc.

2. Claims nos: 1-41, all in part

INVENTIONS: 2-139:

Nucleic acid sequence with the SEQ ID NO 1, variants thereof and complementary sequences; polypeptide partial sequences coded from same; their use, etc.

Translation

16C1

PATENT COOPERATION TREATY

PCT

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

(PCT Article 36 and Rule 70)

RECEIVED
JAN 31 2001
PCT CENTER 16002900

1631
RECEIVED

Applicant's or agent's file reference 51580AWOM1XX24-P	FOR FURTHER ACTION See Notification of Transmittal of International Preliminary Examination Report (Form PCT/IPEA/416)	
International application No. PCT/DE99/01087	International filing date (day/month/year) 07 April 1999 (07.04.99)	Priority date (day/month/year) 09 April 1998 (09.04.98)
International Patent Classification (IPC) or national classification and IPC C07K 14/82		
Applicant METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH		

1. This international preliminary examination report has been prepared by this International Preliminary Examining Authority and is transmitted to the applicant according to Article 36.
2. This REPORT consists of a total of 6 sheets, including this cover sheet.

☐ This report is also accompanied by ANNEXES, i.e., sheets of the description, claims and/or drawings which have been amended and are the basis for this report and/or sheets containing rectifications made before this Authority (see Rule 70.16 and Section 607 of the Administrative Instructions under the PCT).

These annexes consist of a total of _____ sheets.

3. This report contains indications relating to the following items:

- I ☒ Basis of the report
- II ☐ Priority
- III ☒ Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability
- IV ☒ Lack of unity of invention
- V ☒ Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement
- VI ☐ Certain documents cited
- VII ☐ Certain defects in the international application
- VIII ☒ Certain observations on the international application

Date of submission of the demand 08 October 1999 (08.10.99)	Date of completion of this report 14 August 2000 (14.08.2000)
Name and mailing address of the IPEA/EP	Authorized officer
Facsimile No.	Telephone No.

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/01087

I. Basis of the report

1. This report has been drawn on the basis of *(Replacement sheets which have been furnished to the receiving Office in response to an invitation under Article 14 are referred to in this report as "originally filed" and are not annexed to the report since they do not contain amendments.)*:

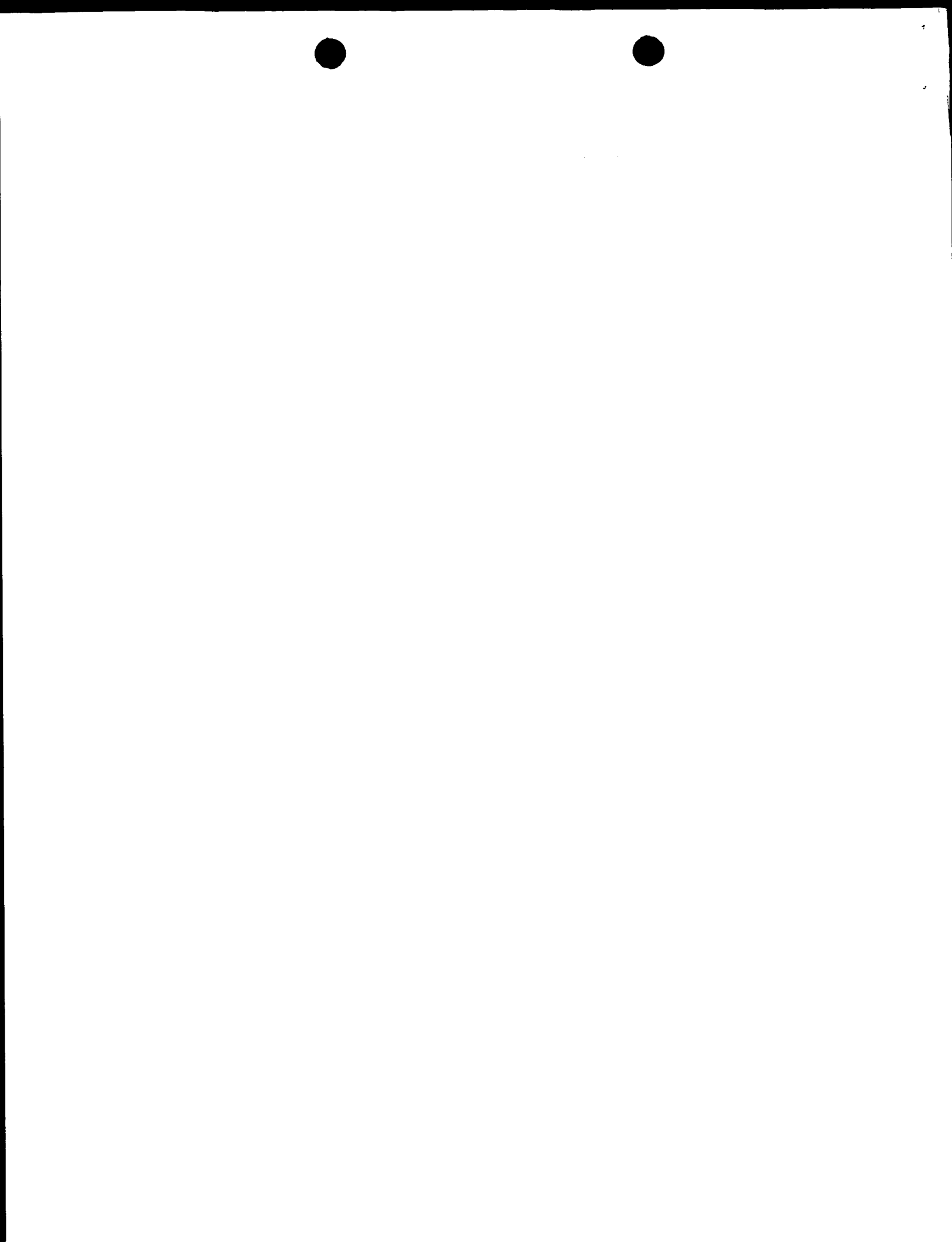
- ☐ the international application as originally filed.
- ☒ the description, pages 1-319, as originally filed,
 pages _____, filed with the demand,
 pages _____, filed with the letter of _____,
 pages _____, filed with the letter of _____.
- ☒ the claims, Nos. 1-41, as originally filed,
 Nos. _____, as amended under Article 19,
 Nos. _____, filed with the demand,
 Nos. _____, filed with the letter of _____,
 Nos. _____, filed with the letter of _____.
- ☒ the drawings, sheets/fig 1/10-10/10, as originally filed,
 sheets/fig _____, filed with the demand,
 sheets/fig _____, filed with the letter of _____,
 sheets/fig _____, filed with the letter of _____.

2. The amendments have resulted in the cancellation of:

- ☐ the description, pages _____
- ☐ the claims, Nos. _____
- ☐ the drawings, sheets/fig _____

3. ☐ This report has been established as if (some of) the amendments had not been made, since they have been considered to go beyond the disclosure as filed, as indicated in the Supplemental Box (Rule 70.2(c)).

4. Additional observations, if necessary:



INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/01087

III. Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability

The questions whether the claimed invention appears to be novel, to involve an inventive step (to be non obvious), or to be industrially applicable have not been examined in respect of:

- ☐ the entire international application.
- ☒ claims Nos. 27,30-35,38.

because:

- ☐ the said international application, or the said claims Nos. _____
relate to the following subject matter which does not require an international preliminary examination (*specify*):

- ☒ the description, claims or drawings (*indicate particular elements below*) or said claims Nos. 27
are so unclear that no meaningful opinion could be formed (*specify*):

See the supplemental box.

- ☒ the claims, or said claims Nos. 30-35,38 are so inadequately supported
by the description that no meaningful opinion could be formed.
- ☐ no international search report has been established for said claims Nos. _____

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/01087

IV. Lack of unity of invention

1. In response to the invitation to restrict or pay additional fees the applicant has:

- ☐ restricted the claims.
- ☐ paid additional fees.
- ☐ paid additional fees under protest.
- ☒ neither restricted nor paid additional fees.

2. ☐ This Authority found that the requirement of unity of invention is not complied with and chose, according to Rule 68.1, not to invite the applicant to restrict or pay additional fees.

3. This Authority considers that the requirement of unity of invention in accordance with Rules 13.1, 13.2 and 13.3 is

- ☐ complied with.
- ☒ not complied with for the following reasons:

See the supplemental sheet.

4. Consequently, the following parts of the international application were the subject of international preliminary examination in establishing this report:

- ☐ all parts.
- ☒ the parts relating to claims Nos. 1-41.

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01087

V. Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement

1. Statement

Novelty (N)	Claims	2-5, 12-23, 28, 29, 39, 40	YES
	Claims	1, 6-11, 24-26, 36, 37, 41	NO
Inventive step (IS)	Claims		YES
	Claims	2-5, 12-23, 28, 29, 39, 40	NO
Industrial applicability (IA)	Claims		YES
	Claims	1-41	NO

2. Citations and explanations

D1 (DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID HS250D10; AC Z99716, 2 October 1997 (1997-10-02) CLARK, G.: 'human DNA sequence from clone 250D10 on chromosome 22' XP002128393) describes an EST sequence that is largely homologous or identical to Seq ID No 1. With respect to said document, claims pertaining to partial nucleic acid sequences, but also to partial polypeptide sequences, are not novel (Claims 1, 6 to 11, 24 to 26, 36 and 37, 41). Claims 12 to 23, 28 and 29, 39 and 40 pertain to obvious modifications or uses of the claimed nucleic acid sequences (for example, insertion into a vector) that are totally lacking in inventive step over D1.

Further, the provision of a complete DNA sequence for which no function was determined is neither inventive nor industrially applicable. Therefore, Claims 2 to 5 also fail to satisfy the requirements of PCT Article 33(3).

The application does not describe (see Box III) any subject that could involve an inventive step, such as the definition of the function of the protein and the therapeutic uses of the protein. The teaching of the present application fails to go beyond the disclosure of D1 (in both cases only an EST was isolated).

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01087

Supplemental Box

(To be used when the space in any of the preceding boxes is not sufficient)

Continuation of: IV

The present application pertains to EST sequences that are preferably expressed in the tissue of an ovarian tumor. The corresponding complete proteins were, however, not provided, not to mention that no function was determined for the researched Seq ID No. 1. Because only a partial search was conducted, in view of the objection raised in the search report with reference to PCT Rules 13.1 to 13.3, the present report is accordingly limited to the researched subject.

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01087

Supplemental Box

(To be used when the space in any of the preceding boxes is not sufficient)

Continuation of: III

Further, the present set of claims contains claims that are insufficiently disclosed, because the application does not contain any experimental data. This pertains in particular to use Claims 30 to 34, but also to the products according to Claims 35 and 38. No function was determined for the protein and thus the uses are purely speculative. Splice variants, enhancer silencers, exon structures and intron structures were not specified. Therefore, said subject lacks the support required by PCT Article 6.

Claim 27 is totally unclear because the protein is not technically defined. An examination on the basis of said claim is not possible.

Therefore, it is the opinion of the examiner that the present application contains no subject that is novel and inventive with respect to PCT Article 33(2) and (3).

VERTRAG ÜBER INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS

PCT

REC'D 18 AUG 2000

WIPO PCT

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

(Artikel 36 und Regel 70 PCT)

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts 51580AWOM1XX24-P	WEITERES VORGEHEN siehe Mitteilung über die Übersendung des internationalen vorläufigen Prüfungsbericht (Formblatt PCT/IPEA/416)	
Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01087	Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) 07/04/1999	Prioritätsdatum (Tag/Monat/Tag) 09/04/1998
Internationale Patentklassifikation (IPK) oder nationale Klassifikation und IPK C12N15/00		
Anmelder MetaGen GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH et al.		


- Dieser internationale vorläufige Prüfungsbericht wurde von der mit der internationale vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 36 übermittelt.
- Dieser BERICHT umfaßt insgesamt 6 Blätter einschließlich dieses Deckblatts.

☐ Außerdem liegen dem Bericht ANLAGEN bei; dabei handelt es sich um Blätter mit Beschreibungen, Ansprüchen und/oder Zeichnungen, die geändert wurden und diesem Bericht zugrunde liegen, und/oder Blätter mit vor dieser Behörde vorgenommenen Berichtigungen (siehe Regel 70.16 und Abschnitt 607 der Verwaltungsrichtlinien zum PCT).

 Diese Anlagen umfassen insgesamt Blätter.

3. Dieser Bericht enthält Angaben zu folgenden Punkten:

- I ☒ Grundlage des Berichts
- II ☐ Priorität
- III ☒ Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit
- IV ☒ Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung
- V ☒ Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderische Tätigkeit und der gewerbliche Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung
- VI ☐ Bestimmte angeführte Unterlagen
- VII ☐ Bestimmte Mängel der internationalen Anmeldung
- VIII ☒ Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Datum der Einreichung des Antrags 08/10/1999	Datum der Fertigstellung dieses Berichts 14.08.2000
Name und Postanschrift der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde:  Europäisches Patentamt D-80298 München Tel. +49 89 2399 - 0 Tx: 523656 epmu d Fax: +49 89 2399 - 4465	Bevollmächtigter Bediensteter Vollbach, S Tel. Nr. +49 89 2399 8715





I. Grundlage des Berichts

1. Dieser Bericht wurde erstellt auf der Grundlage (*Ersatzblätter, die dem Anmeldeamt auf eine Aufforderung nach Artikel 14 hin vorgelegt wurden, gelten im Rahmen dieses Berichts als "ursprünglich eingereicht" und sind ihm nicht beigelegt, weil sie keine Änderungen enthalten.*):

Beschreibung, Seiten:

1-319 ursprüngliche Fassung

Patentansprüche, Nr.:

1-41 ursprüngliche Fassung

Zeichnungen, Blätter:

1/10-10/10 ursprüngliche Fassung

2. Aufgrund der Änderungen sind folgende Unterlagen fortgefallen:

- ☐ Beschreibung, Seiten:
- ☐ Ansprüche, Nr.:
- ☐ Zeichnungen, Blatt:

3. ☐ Dieser Bericht ist ohne Berücksichtigung (von einigen) der Änderungen erstellt worden, da diese aus den angegebenen Gründen nach Auffassung der Behörde über den Offenbarungsgehalt in der ursprünglich eingereichten Fassung hinausgehen (Regel 70.2(c)):

4. Etwaige zusätzliche Bemerkungen:

III. Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit

Folgende Teile der Anmeldung wurden nicht daraufhin geprüft, ob die beanspruchte Erfindung als neu, auf erfinderischer Tätigkeit beruhend (nicht offensichtlich) und gewerblich anwendbar anzusehen ist:

- ☐ die gesamte internationale Anmeldung.
- ☒ Ansprüche Nr. 27,30-35,38.

Begründung:



- ☐ Die gesamte internationale Anmeldung, bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. beziehen sich auf den nachstehenden Gegenstand, für den keine internationale vorläufige Prüfung durchgeführt werden braucht (*genaue Angaben*):
- ☒ Die Beschreibung, die Ansprüche oder die Zeichnungen (*machen Sie hierzu nachstehend genaue Angaben*) oder die obengenannten Ansprüche Nr. 27 sind so unklar, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte (*genaue Angaben*):
- siehe Beiblatt**
- ☒ Die Ansprüche bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. 30-35,38 sind so unzureichend durch die Beschreibung gestützt, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte.
- ☐ Für die obengenannten Ansprüche Nr. wurde kein internationaler Recherchenbericht erstellt.

IV. Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung

1. Auf die Aufforderung zur Einschränkung der Ansprüche oder zur Zahlung zusätzlicher Gebühren hat der Anmelder:
- ☐ die Ansprüche eingeschränkt.
- ☐ zusätzliche Gebühren entrichtet.
- ☐ zusätzliche Gebühren unter Widerspruch entrichtet.
- ☒ weder die Ansprüche eingeschränkt noch zusätzliche Gebühren entrichtet.
2. ☐ Die Behörde hat festgestellt, daß das Erfordernis der Einheitlichkeit der Erfindung nicht erfüllt ist, und hat gemäß Regel 68.1 beschlossen, den Anmelder nicht zur Einschränkung der Ansprüche oder zur Zahlung zusätzlicher Gebühren aufzufordern.
3. Die Behörde ist der Auffassung, daß das Erfordernis der Einheitlichkeit der Erfindung nach den Regeln 13.1, 13.2 und 13.3
- ☐ erfüllt ist
- ☒ aus folgenden Gründen nicht erfüllt ist:
- siehe Beiblatt**
4. Daher wurde zur Erstellung dieses Berichts eine internationale vorläufige Prüfung für folgende Teile der internationalen Anmeldung durchgeführt:
- ☐ alle Teile.
- ☒ die Teile, die sich auf die Ansprüche Nr. 1-41 teilweise beziehen.



V. Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderischen Tätigkeit und der gewerblichen Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung

1. Feststellung

Neuheit (N)	Ja: Ansprüche	2-5,12-23,28,29,39,40
	Nein: Ansprüche	1,6-11,24-26,36,37,41
Erfinderische Tätigkeit (ET)	Ja: Ansprüche	
	Nein: Ansprüche	2-5,12-23,28,29,39,40
Gewerbliche Anwendbarkeit (GA)	Ja: Ansprüche	
	Nein: Ansprüche	1-41

2. Unterlagen und Erklärungen

siehe Beiblatt

VIII. Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Zur Klarheit der Patentansprüche, der Beschreibung und der Zeichnungen oder zu der Frage, ob die Ansprüche in vollem Umfang durch die Beschreibung gestützt werden, ist folgendes zu bemerken:

siehe Beiblatt



zu Punkt IV:

Die vorliegenden Anmeldung betrifft EST Sequenzen, die präferentiell in Ovarumorgewebe exprimiert werden. Die korrespondierenden, kompletten Proteine wurden jedoch nicht bereitgestellt, geschweige denn für die recherchierte Seq ID No. 1 eine Funktion ermittelt.

Da auf Grund des im Recherchenbericht erhobenen Einwandes unter Regel 13.1-13.3 PCT nur eine Teilrecherche durchgeführt wurde, ist der vorliegende Bericht entsprechend auf den recherchierten Gegenstand beschränkt.

zu Punkt V:

D1(DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID HS250D10; AC Z99716, 2. Oktober 1997 (1997-10-02) CLARK, G.: 'human DNA sequence from clone 250D10 on chromosome 22' XP002128393) beschreibt eine EST Sequenz, die über weite Teile homolog bzw. identisch mit der Seq ID No 1 ist. Im Hinblick auf dieses Dokument sind Ansprüche, die sich auf Nukleinsäure Teilsequenzen, aber auch auf die Polypeptid Teilsequenzen richten, nicht neu (Ansprüche 1,6-11,24-26,36,37,41). Die Ansprüche 12-23,28, 29,39 und 40 betreffen naheliegende Modifikationen oder Verwendungen der beanspruchten Nukleinsäure-Sequenzen (z.B. Insertion in einen Vektor), denen im Hinblick auf D1 jegliche erfinderische Tätigkeit fehlt.

Ferner gilt, daß auch die Bereitstellung einer kompletten DNA Sequenz, für die keine Funktion ermittelt wurde, weder auf einer erfinderischen Idee beruht noch industriell anwendbar ist. Daher sind auch die Ansprüche 2-5 unter Artikel 33(3) PCT nicht gewährbar.

Jeder Gegenstand, der eine erfinderische Tätigkeit begründen könnte, z.B. die Festlegung der Funktion des Proteins und die Verwendungen des Proteins in der Therapie, ist in der Anmeldung nicht beschrieben (siehe Punkt III.). Tatsächlich geht die Lehre der gegenwärtigen Anmeldung nicht über die Offenbarung von D1 hinaus (in beiden Fällen wurde lediglich eine EST isoliert).

zu Punkt III:

Desweiteren enthält der vorliegende Anspruchssatz Ansprüche, die nicht ausreichend



offenbart sind, da die Anmeldung keine experimentellen Daten enthält. Das betrifft vor allem die Verwendungsansprüche 30-34, aber auch die Produkte gemäß des Ansprüche 35 und 38. Eine Funktion des Proteins wurde nicht bestimmt und somit sind die Verwendungen rein spekulativ. Splicevarianten, Enhancer Silencer, Exonstrukturen und Intronstrukturen wurden nicht festgelegt. Daher fehlt für diesen Gegenstand die Stützung gemäß Artikel 6 PCT.

Anspruch 27 ist völlig unklar, da das Protein technisch nicht definiert ist. Eine Prüfung auf der Basis diese Anspruchs ist nicht möglich.

Daher wird die Auffassung vertreten, daß die vorliegende Anmeldung keinen Gegenstand enthält der neu und erfinderisch im Sinne der Artikel 33(2) und 33(3) PCT ist.



PCT COOPERATION TREATY

PCT

NOTIFICATION OF ELECTION

(PCT Rule 61.2)

From the INTERNATIONAL BUREAU

To:

Assistant Commissioner for Patents
United States Patent and Trademark
Office
Box PCT
Washington, D.C. 20231
ÉTATS-UNIS D'AMÉRIQUE

in its capacity as elected Office

Date of mailing (day/month/year) 23 November 1999 (23.11.99)	
International application No. PCT/DE99/01087	Applicant's or agent's file reference 51580AWOM1XX24-P
International filing date (day/month/year) 07 April 1999 (07.04.99)	Priority date (day/month/year) 09 April 1998 (09.04.98)
Applicant SPECHT, Thomas et al	

1. The designated Office is hereby notified of its election made:

☒ in the demand filed with the International Preliminary Examining Authority on:
08 October 1999 (08.10.99)

☐ in a notice effecting later election filed with the International Bureau on:

2. The election ☒ was
☐ was not

made before the expiration of 19 months from the priority date or, where Rule 32 applies, within the time limit under Rule 32.2(b).

The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland Facsimile No.: (41-22) 740.14.35	Authorized officer Antonia Muller Telephone No.: (41-22) 338.83.38
---	--

